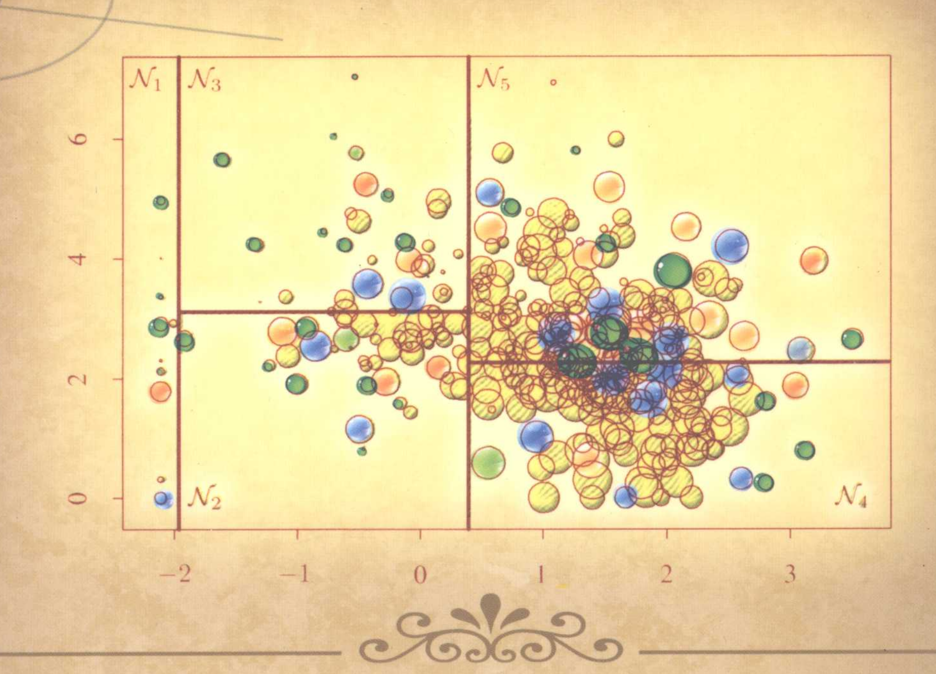


图灵数学·统计学丛书 37





Computational Statistics

计算统计

[美] Geof H. Givens, Jennifer A. Hoeting 著

王兆军 刘民千 邹长亮 杨建峰 译



计算统计
Computational Statistics

"我会毫不犹豫地将此书推荐给统计领域的研究人员和专业人士。"

——《统计软件期刊》

"两位雄心勃勃的作者写就了一本令统计界人士交口称赞的杰作。"

——《美国统计学会期刊》

"这是我读过的计算统计方面最好的一本书，几乎涵盖了统计计算的所有论题。"

—— 亚马逊书评

本书涵盖了计算统计领域的几乎所有核心内容，既包含一些经典的统计计算方法，如求解非线性方程组的牛顿方法、传统的随机模拟方法，又系统地介绍了近些年来发展起来的计算统计中的某些新方法，如模拟退火算法、基因算法、EM算法、MCMC方法、Bootstrap方法等。另外，本书时效性强、实例丰富，书后还提供了大量不同难度的习题以供读者练习。

阅读本书，你不必具有很高的数学水平，只需了解Taylor级数和线性代数方面的知识，以及基本的统计和概率论知识即可。相比于在数学训练上的深度，本书更注重将数学知识广泛运用于实际应用中。

对于那些有志在统计等相关领域奋斗的研究者和工作者，本书是一本必读的经典之作。

Geof H. Givens 华盛顿大学博士，现任科罗拉多州立大学统计系副教授。曾获美国国家科学基金会职业奖，美国统计协会杰出应用奖等。

Jennifer A. Hoeting 科罗拉多州立大学统计系副教授。主要研究领域为：贝叶斯统计，模型的选择性和不确定性，空间统计学，环境问题中的统计方法等。



www.wiley.com

本书相关信息请访问：图灵网站 http://www.turingbook.com

读者热线：(010)51095186

反馈/投稿/推荐信箱：contact@turingbook.com

分类建议 数学/统计

人民邮电出版社网址 www.ptpress.com.cn

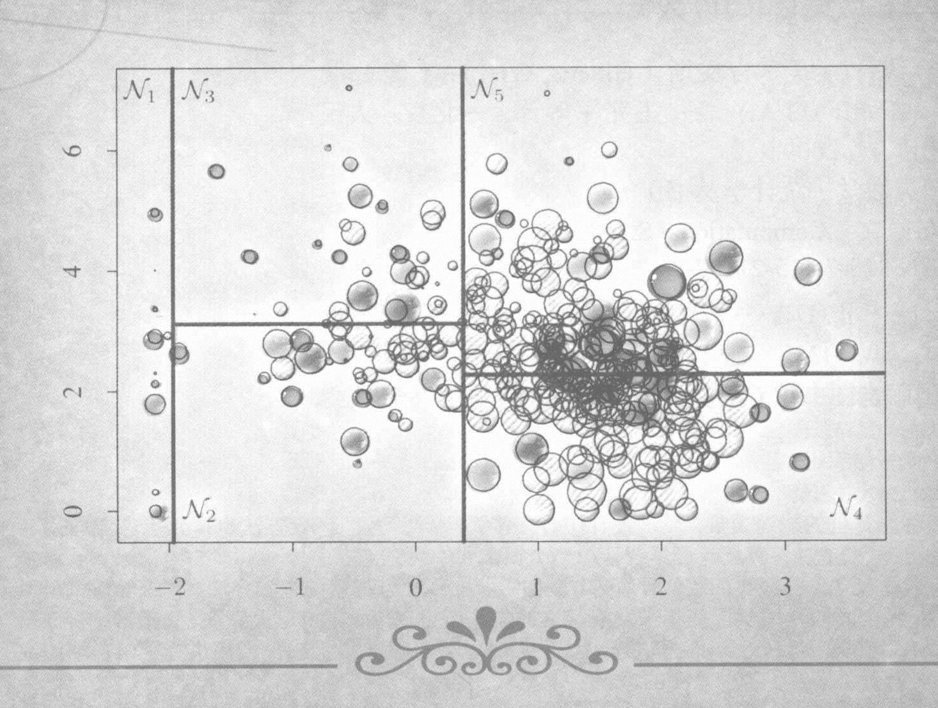




ISBN 978-7-115-21182-8/O1

定价：59.00元

TURING 图灵数学·统计学丛书 37



Computational Statistics

计算统计

[美] Geof H. Givens
Jennifer A. Hoeting 著

王兆军 刘民千 邹长亮 杨建峰 译

人民邮电出版社
北京

图书在版编目(CIP)数据

计算统计/（美）吉文斯（Givens, G.H.），（美）霍特伊（Hoeting, J.A.）著；王兆军等译. —北京：人民邮电出版社, 2009.9
（图灵数学·统计学丛书）
书名原文：Computational Statistics
ISBN 978-7-115-21182-8

Ⅰ.计… Ⅱ.①吉… ②霍… ③王… Ⅲ.数理统计-计算方法 Ⅳ.O212
中国版本图书馆 CIP 数据核字（2009）第 128672 号

内 容 提 要

随着计算机的快速发展, 数理统计中许多涉及大计算量的有效方法也得到了广泛应用与迅猛发展, 可以说, 计算统计已是统计中一个很重要的研究方向.

本书既包含一些经典的统计计算方法, 如求解非线性方程组的牛顿方法、传统的随机模拟方法等, 又全面地介绍了近些年来发展起来的某些新方法, 如模拟退火算法、基因算法、EM 算法、MCMC 方法、Bootstrap 方法等, 并通过某些实例, 对这些方法的应用进行了较详细的说明. 本书最后还提供了各种难度的习题.

本书可作为数学、统计学、科学计算等专业的本科生教材, 也可供统计学方向的研究生、工程技术人员和应用工作者参考使用.

图灵数学·统计学丛书

计算统计

◆ 著　[美] Geof H. Givens　Jennifer A. Hoeting
译　王兆军　刘民千　邹长亮　杨建峰
责任编辑　明永玲
执行编辑　边晓娜

◆ 人民邮电出版社出版发行　北京市崇文区夕照寺街 14 号
邮编 100061　电子函件 315@ptpress.com.cn
网址：http://www.ptpress.com.cn
北京铭成印刷有限公司印刷

◆ 开本：700×1000　1/16
印张：22.5
字数：454 千字　2009 年 9 月第 1 版
印数：1–3 000 册　2009 年 9 月北京第 1 次印刷

著作权合同登记号　图字：01-2005-5223 号

ISBN 978-7-115-21182-8/O1

定价：59.00 元

读者服务热线：(010)51095186　印装质量热线：(010) 67129223

反盗版热线：(010)67171154

版 权 声 明

译 者 简 介

王兆军 南开大学教授、博士生导师. 现任南开大学数学科学学院副院长、中国概率统计学会常务理事、中国现场统计研究会理事、天津市现场统计研究会副理事长、天津数学会秘书长.

刘民千 南开大学教授、博士生导师, 教育部新世纪优秀人才. 现任中国数学会均匀设计分会副理事长、中国现场统计研究会试验设计分会副理事长、天津市现场统计研究会秘书长.

邹长亮 南开大学数学科学学院在读博士研究生.

杨建峰 南开大学数学科学学院统计系教师.

译 者 序

统计计算不仅是统计学专业本科生的一门重要基础课程, 而且越来越多的理工科、商学、经济学、医学专业本科生及研究生也都开始选修此课程. 虽然国内关于统计计算的教材已有若干本, 但这些教材多是介绍传统的、经典的统计计算方法. 近些年, 随着计算机技术的快速发展和统计方法的不断丰富, 统计计算方法发展很快, 并大受重视, 产生了许多得到广泛应用的统计计算方法, 如 EM 算法、Bootstrap 方法、MCMC 方法、模拟退火方法等. 然而, 到目前为止, 国内还没有一本系统地介绍这些新方法的统计计算教材或专著, 而这本由 Wiley 出版社出版的《计算统计》恰好填补了这一空白.

本书既包含了一些经典的统计计算方法, 如非线性方程组的求解方法、传统的 Monte-Carlo 方法等, 也详细地介绍了近些年发展起来的许多常用统计计算方法, 如模拟退火算法、遗传算法、EM 算法、MCMC 方法、Bootstrap 方法及某些光滑技术等.

本书在讲述方法的同时, 还注重这些方法在金融、优化等方面的应用, 并给出了非常丰富的参考文献. 另外, 虽然全书内容较丰富, 但因其所需的概率统计知识相对较少, 所以很适合低年级本科生自学或课堂学习, 而且其中某些高等内容也可供统计专业的本科生、研究生参考.

我们很高兴能有机会将该书推荐给国内的读者, 也非常感谢人民邮电出版社图灵公司的编辑在此书翻译过程中给予我们的大力支持和帮助.

本书的翻译工作由 4 名老师合作完成, 其中第 1~3 章由王兆军翻译, 第 4~6 章由刘民千翻译, 第 7~9 章由邹长亮翻译, 第 10~12 章由杨建峰翻译, 全书由王兆军、刘民千统校.

由于译者英文、中文水平有限, 专业知识也有待提高, 翻译之中难免会有不妥之处, 欢迎广大读者批评指正.

译 者

2008 年 8 月于南开园

前　　言

要广泛深入地学习当今统计计算和计算统计学, 所需了解的大多数内容本书均有涉及. 我们力求让读者理解现有方法的机理, 使读者能够有效地使用这些现代统计方法. 由于许多新方法都是从现有的技术构建出来的, 故我们的最终目的是向科学工作者提供必要的工具, 帮助他们为此领域贡献新的思想.

想要达到这些目的, 就必须精通统计计算、计算统计、计算机科学和数值分析等各方面内容. 我们选取了那些我们认为是本领域中心的内容, 也会是读者感兴趣和认为有用的内容. 另外, 我们从注重实效的角度优先考虑了使学生和研究者受益最多、收效最快的内容.

考虑到出现了一些高质量的软件, 我们省略了本领域过往以来的某些重要的研究内容. 例如, 伪随机数的产生是一个经典的课题, 但我们更倾向于让学生使用可靠的软件来解决问题. 还有一些内容如数值线性代数, 属于讲与不讲两可. 这些内容对于很多应用来说是很关键的, 但是通常都有不错的计算机软件可用. 按我们的判断, 人们不会经常抛开程序而去探究数值线性代数的细节, 因而 (刚好) 不足以让我们把这些内容写到书里. 这些经典内容我们只写了优化和数值积分, 这么做的原因是: (i) 二者是频率学派和 Bayes 推断的基石; (ii) 现有软件程序往往不能应付此方面的难题; (iii) 这些方法本身还是其他统计计算方法的基础.

我们这里使用 "现代" 这个字眼, 可能面临如下矛盾, 其实这本书不可能囊括所有的最新、最好的技术. 事实上, 我们也从未打算这么做. 有些领域实在变化得太快, 比如启发式搜索和 MCMC. 我们只是努力提供这些领域主要内容的近期概况, 而把其多样性和专业性让读者自己去探索回味. 还有的内容 (如主曲线和 tabu 搜索) 我们写在书中, 仅仅是因为这些内容很有意思, 可以从全新的角度去看熟悉的问题. 也许研究者将来能从这些内容出发设计出有创意且有效的新算法来.

本书的目标读者为统计和相关专业的研究生、应用统计工作者和其他领域做定量分析的科学工作者. 我们希望这些读者在应用标准方法和研发新方法的时候, 能够用到本书.

本书不要求读者具有高深的数学水平, 但要了解 Taylor 级数和线性代数方面的知识. 读者数学训练的广度比深度更有用. 第 1 章回顾了基础知识, 较高级的读者可以在与具体内容相关的很多其他书中找到更多的数学细节, 我们在书中列举出了这些参考文献. 其他读者如果对分析的细节不太关注, 则看懂本书的算法和例子讲解就够了.

本书要求的统计知识仅限于一年级研究生所学的统计和概率论内容, 其中最重要的基础知识是极大似然方法、Bayes 方法、基本渐近理论、马氏链和线性模型. 大部分这些内容都会在第 1 章提到.

至于计算机编程, 我们发现好学生可以按需自学. 当然, 了解一门合适的语言有助于快速地把本书中的概念加以实现. 我们在书中摈弃了那些针对具体语言的例子、算法和编码. 对于那些在学习本书的同时还想学习语言的人, 建议他们选择一个高水平的交互式软件包, 即可以灵活设计图形化显示并包含基本的统计和概率函数的软件包. 目前在本书写作阶段, 我们推荐使用 S-Plus,R 和 MATLAB①, 这些都是研究人员在开发新的统计计算技术时经常用到的软件, 也适用于实现我们书中描述的绝大部分方法, 除了个别特大型复杂问题以外. 当然, 你也可以用一些低级语言如 C++, 在研究人员把方法琢磨好后, 通常可以用低级语言把它们作成一个专业版的软件.

即使是编程的老手, 对于数学运算是如何在计算机的二进制世界里实现的细节, 也可能不甚了解. 各种稀奇古怪的问题其实并不少见, 比如满秩矩阵似乎不可逆, 积分和似然是退化的, 数值近似比实际情况还精确等等. 我们一方面不能忽视计算机运算和稳定的数值计算的重要性, 另一方面更要重视算法原理的大局观, 而不去拘泥某些数值计算的细枝末节.

本书共分为 3 个主要部分: 优化 (第 2 章到第 4 章), 积分 (第 5 章到第 8 章), 光滑技术 (第 10 章到第 12 章). 第 9 章穿插介绍了另一个重要内容 Bootstrap 方法. 每章的内容都是独立的, 老师可以根据课程需要自由选取章节. 如果是一学期的课程, 通常我们选取第 2 章, 第 5 章到第 7 章, 第 9 章到第 11 章. 如果想讲得更为从容或深入, 还可以进一步缩小范围. 对于一学年的课程来说, 本书的内容也足够丰富, 何况老师可能还想讲些补充内容.

每章后面都有大量的课后作业. 有些题目直截了当, 但有些题目则需要学生对学过的模型或方法有深入的了解, 仔细 (甚至机灵) 地编写出适当的程序, 并且充分注重对于结果的分析.

正文和习题中涉及的数据集可以从本书网站获得: www.stat.colostate.edu/computationalstatistics. 网站上还有本书的勘误表. 作者对于书中的错误负全部责任.

Geof H.Givens, Jennifer A.Hoeting

于科罗拉多州福特科林斯

① 这些软件包的主页分别为: www.insightful.com,www.r-project.org和www.mathworks.com, 其中 R 是一种免费的能运行 S-Plus 部分功能的软件, 而其他的均为商业软件.

致　谢

我们借用了 Adrian Raftery 大量的知识, 在此特别致谢他并不仅仅是由于他的教学与指导, 而且还由于他坚定的支持和取之不尽的好思想. 另外, 我们要感谢华盛顿大学统计系那些极富影响力的导师们, 包括 David Madigan, Werner Stuetzle 和 Judy Zeh. 当然, 本书的每一章内容都能拓展成一本独立的书, 并且一些著名学者已这样做了. 我们这门课的讲授及本讲义的编写都依赖于这些学者的努力, 我们深深地感谢他们.

从 1994 年起, 我们就已在科罗拉多州立大学讲授基于本书内容的课程. 因此, 我们感谢统计系同事们的不断支持, 还要特别感谢我们职业生涯最初几年给予我们指导的已故 Richard Tweedie 先生. 我们也要感谢那些多年来寒窗听课的学生. 本书的部分内容是在新西兰的奥特加大学数学与统计系完成的, 期间我们受到了全体教员的热情款待.

John Bickham, Kate Cowles, Jan Hanning, Alan Herlihy, David Hunter, Devin Johnson, Michael Newton, Doug Nychka, Steve Sain, David W. Scott, N. Scott Urquhart, Haonan Wang 和 Darrell Whitley 及八位匿名审稿者的建设性意见极大地改进了原稿. 本书的出版还得到了本书编辑 Steve Quigley 及 Wiley 出版社的编辑们的支持与帮助. 我们要感谢 Nélida Pohl 允许我们采用她设计的封面. 我们还要感谢 Zube(又名 John Dzubera) 使我们的计算机始终能正常运转.

本书第一作者要感谢国家自然科学基金 (NSF)CAREER(资助号为 #SBR-9875508) 在本书写作过程中给予的大力支持, 也要感谢他在阿拉斯加北斯路普自治市 (North Slope Borough, Alaska) 野生动植物管理部门的同事与朋友们的长期研究的支持. 第二作者还十分感谢由美国环保局 (EPA) 授予科罗拉多州立大学的 STAR 研究助理协议的支持 (协议号为 CR-829095). 书中表述的仅是作者自己的观点, 所提到的产品或商业服务并没有得到 NSF 和 EPA 的核准.

最后, 我们要题献此书给我们的父母, 感谢他们能够让我们学习且支持我们学习, 感谢他们带给我们的韧力, 这些韧力是研究生阶段、获取终身教授职位及出版本书所必需的.

目　录

第 1 章　回　　顾

本章将回顾一些有关数学、概率和统计中的记号和背景资料. 读者可以跳过本章直接阅读第 2 章.

1.1　某些数学记号

为与一个常变量 x 或常数 M 相区别, 我们用黑体表示向量 $\boldsymbol{x} = (x_1, \cdots, x_p)$ 或矩阵 $\boldsymbol{M}$. 在点 $\boldsymbol{x}$ 取值的向量函数也是黑体, 即 $\boldsymbol{f}(\boldsymbol{x}) = (f_1(\boldsymbol{x}), \cdots, f_p(\boldsymbol{x}))$. 以 $\boldsymbol{M}^{\mathrm{T}}$ 表示矩阵 $\boldsymbol{M}$ 的转置.

除非特别指出, 所有向量均为列向量. 因此, 一个 $n \times p$ 阶矩阵可以写成 $\boldsymbol{M} = (\boldsymbol{x}_1, \cdots, \boldsymbol{x}_n)^{\mathrm{T}}$. 以 $\boldsymbol{I}$ 表示单位矩阵, $\mathbf{1}$ 和 $\mathbf{0}$ 分别表示 1 和 0 的向量.

如果对所有非零向量 $\boldsymbol{x}$, $\boldsymbol{x}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{M}\boldsymbol{x} > 0$, 则称对称方阵 $\boldsymbol{M}$ *正定*. 正定的等价条件是其所有的特征根为正. 如果对所有非零向量 $\boldsymbol{x}$, $\boldsymbol{x}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{M}\boldsymbol{x} \geqslant 0$, 则称 $\boldsymbol{M}$ *非负定或半正定*.

记函数 f 在点 x 的导数为 $f'(x)$. 当 $\boldsymbol{x} = (x_1, \cdots, x_p)$ 时, 函数 f 在 $\boldsymbol{x}$ 点的*梯度*为 $\boldsymbol{f}'(\boldsymbol{x}) = \left(\frac{\mathrm{d}f(\boldsymbol{x})}{\mathrm{d}x_1}, \cdots, \frac{\mathrm{d}f(\boldsymbol{x})}{\mathrm{d}x_p}\right)$. 函数 f 在 $\boldsymbol{x}$ 点的Hessian *矩阵*记为 $\boldsymbol{f}''(\boldsymbol{x})$, 其第 (i,j) 元素为 $\frac{\mathrm{d}^2 f(\boldsymbol{x})}{\mathrm{d}x_i \mathrm{d}x_j}$. 负的 Hessian 阵在统计推断中具有重要的应用.

以 $\boldsymbol{J}(\boldsymbol{x})$ 表示一对一映射 $\boldsymbol{y} = \boldsymbol{f}(\boldsymbol{x})$ 在点 $\boldsymbol{x}$ 处的Jacobian *矩阵*, 其第 (i,j) 元素为 $\frac{\mathrm{d}f_i(\boldsymbol{x})}{\mathrm{d}x_j}$.

一个*泛函*就是一个函数空间中的实值函数. 例如, 如果 $T(f) = \int_0^1 f(x)\mathrm{d}x$, 则泛函 T 为可积函数到一维实数的映射.

示性函数 $1_{\{A\}}$ 等于 1 , 如果 A 成立, 否则就等于 0. 一维实空间记为 $\Re$, p 维实空间记为 $\Re^p$.

1.2　Taylor 定理和数学极限理论

为了描述函数收敛的相对阶数, 我们首先定义记号 O 与 o. 设 f, g 为两个定义在同一区间 (区间可能无限) 上的函数, z_0 为此区间内或边界上一点 (即 $-\infty$ 或 ∞). 我们要求函数 $g(z) \neq 0$, 其中 在 z_0 的一个邻域内 $z \neq z_0$. 如果存在一个常数

M 满足：当 $z \to z_0$ 时，$|f(z)| \leqslant M|g(z)|$，则称

$$f(z) = O(g(z)). \tag{1.1}$$

例如，当 $n \to \infty$ 时，$\frac{n+1}{3n^2} = O(n^{-1})$. 如果 $\lim\limits_{z \to z_0} f(z)/g(z) = 0$，则称

$$f(z) = o(g(z)). \tag{1.2}$$

例如，如果 f 在 x_0 点可微，则当 $h \to 0$ 时，$f(x_0 + h) - f(x_0) = hf'(x_0) + o(h)$. 如取 $f(n) = x_n$，则关于序列 $\{x_n\}$ 的收敛性，同样有上述记号.

Taylor 定理给出了一个函数 f 的多项式近似. 设 f 在区间 (a, b) 上具有有限的 $(n+1)$ 阶导数，在区间 $[a, b]$ 上有连续的 n 阶导数. 则对于任意一个不同于 x 的 $x_0 \in [a, b]$，函数 f 在点 x_0 的 Taylor 级数展开为

$$f(x) = \sum_{i=1}^{n} \frac{1}{i!} f^{(i)}(x_0)(x - x_0)^i + R_n, \tag{1.3}$$

其中 $f^{(i)}(x_0)$ 为函数 f 在点 x_0 处的 i 阶导数，且

$$R_n = \frac{1}{(n+1)!} f^{(n+1)}(\xi)(x - x_0)^{n+1}, \tag{1.4}$$

其中 ξ 在由 x 与 x_0 构成的区间内. 注意到当 $|x - x_0| \to 0$ 时，$R_n = O(|x - x_0|^{n+1})$.

多元的 Taylor 定理与之类似. 设 f 为一关于 $\boldsymbol{x}$ 的 p 元实值函数，它在包含 $\boldsymbol{x}$ 和 $\boldsymbol{x}_0 \neq \boldsymbol{x}$ 的一个开的凸集中具有 $n+1$ 阶连续偏导数. 则

$$f(\boldsymbol{x}) = f(\boldsymbol{x}_0) + \sum_{i=1}^{n} \frac{1}{i!} D^{(i)}(f; \boldsymbol{x}_0, \boldsymbol{x} - \boldsymbol{x}_0) + R_n, \tag{1.5}$$

其中

$$D^{(i)}(f; \boldsymbol{x}, \boldsymbol{y}) = \sum_{j_1=1}^{p} \cdots \sum_{j_i=1}^{p} \left\{ \left(\frac{\mathrm{d}^i}{\mathrm{d}t_{j_1} \cdots \mathrm{d}t_{j_i}} f(\boldsymbol{t})|\boldsymbol{t} = \boldsymbol{x} \right) \prod_{k=1}^{i} y_{j_k} \right\}, \tag{1.6}$$

$$R_n = \frac{1}{(n+1)!} D^{(n+1)}(f; \boldsymbol{\xi}, \boldsymbol{x} - \boldsymbol{x}_0), \tag{1.7}$$

其中 $\boldsymbol{\xi}$ 在由点 $\boldsymbol{x}$ 和 $\boldsymbol{x}_0$ 连成的直线段上. 当 $|\boldsymbol{x} - \boldsymbol{x}_0| \to 0$ 时，$R_n = O(|\boldsymbol{x} - \boldsymbol{x}_0|^{n+1})$.

Euler-Maclaurin 公式在渐近分析中很有用. 如果 f 在 $[0,1]$ 上具有 $2n$ 阶连续导数，则

$$\int_0^1 f(x)\mathrm{d}x = \frac{f(0) + f(1)}{2} - \sum_{i=0}^{n-1} \frac{b_{2i}(f^{(2i-1)}(1) - f^{(2i-1)}(0))}{(2i)!} - \frac{b_{2n} f^{(2n)}(\xi)}{(2n)!}, \tag{1.8}$$

其中 $0 \leqslant \xi \leqslant 1$，$f^{(j)}$ 是 f 的 j 阶导数，$b_j = B_j(0)$ 由下列迭代关系确定

$$\sum_{j=0}^{m}\begin{pmatrix} m+1 \\ j \end{pmatrix} B_j(z) = (m+1)z^m, \tag{1.9}$$

其初值 $B_0(z) = 1$. 此结论可由分部积分证得 ([328]).

最后, 我们注意到有时会利用有限差分来数值近似一个函数的导数. 例如, 函数 f 在点 $\boldsymbol{x}$ 处梯度的第 i 个分量为

$$\frac{\mathrm{d}f(\boldsymbol{x})}{\mathrm{d}x_i} \approx \frac{f(\boldsymbol{x}+\epsilon_i\boldsymbol{e}_i) - f(\boldsymbol{x}-\epsilon_i\boldsymbol{e}_i)}{2\epsilon_i}, \tag{1.10}$$

其中 ϵ_i 是一任意小数, $\boldsymbol{e}_i$ 是第 i 个梯度方向的单位向量. 一般地, 人们可从 $\epsilon_i = 0.01$ 或 0.001 开始, 采用逐步减少的 ϵ_i 序列来近似所求导数. 且这种近似方法一般均可逐步得到改进, 直到当 ϵ_i 非常小时导致计算退化且计算完全由计算机的四舍五入所控制. 关于此方法的介绍和可以得到较高精度的 Richadson 外推法请见 [328]. 有限差分法仍可用来近似函数 f 在 $\boldsymbol{x}$ 处的二阶导数, 即

$$\begin{aligned}\frac{\mathrm{d}f(\boldsymbol{x})}{\mathrm{d}x_i\mathrm{d}x_j} \approx \frac{1}{4\epsilon_i\epsilon_j}&\left(f(\boldsymbol{x}+\epsilon_i\boldsymbol{e}_i+\epsilon_j\boldsymbol{e}_j) - f(\boldsymbol{x}+\epsilon_i\boldsymbol{e}_i-\epsilon_j\boldsymbol{e}_j)\right.\\ &\left.-f(\boldsymbol{x}-\epsilon_i\boldsymbol{e}_i+\epsilon_j\boldsymbol{e}_j) + f(\boldsymbol{x}-\epsilon_i\boldsymbol{e}_i-\epsilon_j\boldsymbol{e}_j)\right),\end{aligned} \tag{1.11}$$

它仍可用类似的 ϵ_i 序列来改进近似精度.

1.3 某些统计记号和概率分布

我们用大写字母表示随机变量, 如 Y 或 X; 用小写字母表示随机变量的取值, 如 y 或 x. 记 f 和 F 分别为 X 的概率密度函数和累积分布函数. 我们以记号 $X \sim f(x)$ 表示 X 服从密度为 $f(x)$ 的分布. 一般地, 以一条竖线, 如 $f(x|\alpha,\beta)$ 表示密度函数 $f(x)$ 依赖于一个或多个参数. 由于本书内容较多, 故应注意到 $f(x|\alpha)$ 也表示此密度函数在 x 处的取值. 当所用记号的含义清楚时, 我们则不加以区别, 如 $f(\cdot|\alpha)$ 就表示此函数. 当有多个随机变量的密度需要加以区别时, 可加下标以示区别, 即分别用 f_X 和 f_Y 表示 X 和 Y 的密度函数. 对于离散随机变量和有关 Bayes 的内容, 我们使用同样的记号.

给定 $Y = y$ 时 X 的条件密度记为 $f(x|y)$ 或 $f_{X|Y}(x|y)$, 此时也称 $X|Y$ 具有密度 $f(x|Y)$. 为了记号的简单, 我们允许密度函数由其变量所决定, 于是, 我们可以用同一个记号, 如 f 表示不同的函数, 如下面的方程: $f(x,y|\mu) = f(x|y,\mu)f(y|\mu)$. 最后, $f(X)$ 和 $F(X)$ 均是随机变量, 它表示密度函数和累积分布函数在随机自变量 X 处的取值.

以 $\mathrm{E}\{X\}$ 表示随机变量的期望. 除非特别指出, 求期望所用的分布均指 X 的分布. 我们以 $P[A]$ 表示事件 A 的概率, 且 $P[A] = \mathrm{E}\{1_{\{A\}}\}$. 用 $\mathrm{E}\{X|y\}$ 表示 $X|Y = y$

的期望. 当 Y 未知时, $\mathrm{E}\{X|Y\}$ 是依赖于 Y 的随机变量. 关于 X 和 Y 的其他分布特征有 $\mathrm{var}\{X\}, \mathrm{cov}\{X,Y\}, \mathrm{cor}\{X,Y\}$ 和 $\mathrm{cv}\{X\} = \mathrm{var}\{X\}^{1/2}/\mathrm{E}\{X\}$, 它们分别表示 X 的方差、X 和 Y 的协方差和 X 的变异系数.

Jensen 不等式是关于期望的一个有用结果. 设 g 在某可能无限的开区间 I 内是凸函数, 则对于所有的 $x, y \in I$ 和 $0 < \lambda < 1$, 有

$$g(\lambda x + (1-\lambda)y) \leqslant \lambda g(x) + (1-\lambda)g(y). \tag{1.12}$$

Jensen 不等式指出, 如果随机变量 X 满足 $P[X \in I] = 1$, 则 $\mathrm{E}\{g(X)\} \geqslant g(\mathrm{E}\{X\})$.

表 1.1, 表 1.2 和表 1.3 给出了本书中用到的多个离散和连续随机变量的相关信息. 我们有如下常用的组合常数:

表 1.1 某些常用离散随机变量概率分布的记号和描述

名 称	记号和参数空间	密度和样本空间	均值与方差
Bernoulli	$X \sim \mathrm{B}(p)$	$f(x) = p^x(1-p)^{1-x}$	$\mathrm{E}\{X\} = p$
	$0 \leqslant p \leqslant 1$	$x = 0$ 或 1	$\mathrm{var}\{X\} = p(1-p)$
二项	$X \sim \mathrm{B}(n,p)$	$f(x) = \begin{pmatrix} n \\ x \end{pmatrix} p^x(1-p)^{n-x}$	$\mathrm{E}\{X\} = np$
	$0 \leqslant p \leqslant 1, n = 1, 2, \cdots$	$x = 0, 1, \cdots, n$	$\mathrm{var}\{X\} = np(1-p)$
多项	$\boldsymbol{X} \sim \mathrm{MB}(n, \boldsymbol{p})$	$f(\boldsymbol{x}) = \begin{pmatrix} n \\ x_1, \cdots, x_k \end{pmatrix} \prod_{i=1}^k p_i^{x_i}$	$\mathrm{E}\{\boldsymbol{X}\} = n\boldsymbol{p}$
	$\boldsymbol{p} = (p_1, \cdots, p_k)$, $0 \leqslant p_i \leqslant 1$	$\boldsymbol{x} = (x_1, \cdots, x_k), x_i = 0, 1, \cdots, n$	$\mathrm{var} X_i = np_i(1-p_i)$
	$\sum_{i=1}^k p_i = 1, n = 1, 2, \cdots$	$\sum_{i=1}^k x_i = n$	$\mathrm{cov}\{X_i, X_j\} = -np_ip_j$
负二项	$X \sim \mathrm{NB}(r,p)$	$f(x) = \begin{pmatrix} x+r-1 \\ r-1 \end{pmatrix} p^r(1-p)^x$	$\mathrm{E}\{X\} = r(1-p)/p$
	$0 \leqslant p \leqslant 1, r = 1, 2, \cdots$	$x = 0, 1, \cdots$	$\mathrm{var}\{X\} = r(1-p)/p^2$
Poisson	$X \sim \mathrm{P}(\lambda)$	$f(x) = \frac{\lambda^x}{x!}\exp\{-\lambda\}$	$\mathrm{E}\{X\} = \lambda$
	$\lambda > 0$	$x = 0, 1, 2, \cdots$	$\mathrm{var} X = \lambda$

$$n! = n(n-1)(n-2)\cdots(3)(2)(1), \ (\text{注意 } 0! = 1), \tag{1.13}$$

$$\begin{pmatrix} n \\ k \end{pmatrix} = \frac{n!}{k!(n-k)!}, \tag{1.14}$$

$$\begin{pmatrix} n \\ k_1 \cdots k_m \end{pmatrix} = \frac{n!}{\prod_{i=1}^m k_i!}, \text{ 其中 } n = \sum_{i=1}^m k_i, \tag{1.15}$$

$$\Gamma(r) = \begin{cases} (r-1)!, & \text{如果} r = 1, 2, \cdots, \\ \int_0^\infty t^{r-1}\exp\{-t\}\mathrm{d}t, & \text{如果 } r > 0. \end{cases} \tag{1.16}$$

注意到 $\Gamma(1/2) = \sqrt{\pi}$, 且对于任意的正整数 n, $\Gamma(n + \frac{1}{2}) = \frac{1 \times 3 \times 5 \times \cdots \times (2n-1)\sqrt{\pi}}{2^n}$.

表 1.2 某些常用连续随机变量概率分布的记号和描述

名 称	记号和参数空间	密度和样本空间	均值与方差
Beta	$X \sim \text{Beta}(\alpha,\beta)$	$f(x)=\frac{\Gamma(\alpha+\beta)}{\Gamma(\alpha)\Gamma(\beta)}x^{\alpha-1}(1-x)^{\beta-1}$	$\text{E}\{X\}=\frac{\alpha}{\alpha+\beta}$
	$\alpha>0,\beta>0$	$0\leqslant x\leqslant 1$	$\text{var}\{X\}=\frac{\alpha\beta}{(\alpha+\beta)^2(\alpha+\beta+1)}$
Cauchy	$X\sim \text{Cauchy}(\alpha,\beta)$	$f(x)=\frac{1}{\pi\beta\left[1+\left(\frac{x-\alpha}{\beta}\right)^2\right]}$	$\text{E}\{X\}$ 不存在
	$\alpha\in\mathfrak{R},\beta>0$	$x\in\mathfrak{R}$	$\text{var}\{X\}$ 不存在
χ^2	$X\sim\chi^2_\nu$	$f(x)=\text{Gamma}(\nu/2,1/2)$	$\text{E}\{X\}=\nu$
	$\nu>0$	$x>0$	$\text{var}\{X\}=2\nu$
Dirichlet	$\boldsymbol{X}\sim\text{Dirichlet}(\boldsymbol{\alpha})$	$f(\boldsymbol{x})=\frac{\Gamma(\alpha_0)\prod_{i=1}^k x_i^{\alpha_i-1}}{\prod_{i=1}^k\Gamma(\alpha_i)}$	$\text{E}\{\boldsymbol{X}\}=\boldsymbol{\alpha}/\alpha_0$
	$\boldsymbol{\alpha}=(\alpha_1,\cdots,\alpha_k)$	$\boldsymbol{x}=(x_1,\cdots,x_k),0\leqslant x_i\leqslant 1$	$\text{var}\{X_i\}=\frac{\alpha_i(\alpha_0-\alpha_i)}{\alpha_0^2(\alpha_0+1)}$
	$\alpha_i>0,\alpha_0=\sum_{i=1}^k\alpha_i$	$\sum_{i=1}^k x_i=1$	$\text{cov}\{X_1,X_j\}=\frac{-\alpha_i\alpha_j}{\alpha_0^2(\alpha_0+1)}$
指数	$X\sim\text{Exp}(\lambda)$	$f(x)=\lambda\exp\{-\lambda x\}$	$\text{E}\{X\}=1/\lambda$
	$\lambda>0$	$x>0$	$\text{var}\{X\}=1/\lambda^2$
Gamma	$X\sim\text{Gamma}(r,\lambda)$	$f(x)=\frac{\lambda^r x^{r-1}}{\Gamma(r)}\exp\{-\lambda x\}$	$\text{E}\{X\}=r/\lambda$
	$\lambda>0,r>0$	$x>0$	$\text{var}\{X\}=r/\lambda^2$

表 1.3 其他一些常用连续随机变量概率分布的记号和描述

名 称	记号和参数空间	密度和样本空间	均值与方差
对数正态	$X\sim\text{LN}(\mu,\sigma^2)$	$f(x)=\frac{1}{x\sqrt{2\pi\sigma^2}}\exp\left\{-\frac{1}{2}\left(\frac{\log\{x\}-\mu}{\sigma}\right)^2\right\}$	$\text{E}\{X\}=\exp\{\mu+\sigma^2/2\}$
	$\mu\in\mathfrak{R},\sigma>0$	$x\in\mathfrak{R}$	$\text{var}\{X\}=\exp\{2\mu+2\sigma^2\}-\exp\{2\mu+\sigma^2\}$
多元正态	$\boldsymbol{X}\sim\text{N}_\text{k}(\boldsymbol{\mu},\boldsymbol{\Sigma})$	$f(\boldsymbol{x})=\frac{\exp\{(\boldsymbol{x}-\boldsymbol{\mu})^\text{T}\boldsymbol{\Sigma}^{-1}(\boldsymbol{x}-\boldsymbol{\mu})/2\}}{(2\pi)^{k/2}\|\boldsymbol{\Sigma}\|^{1/2}}$	$\text{E}\{\boldsymbol{X}\}=\boldsymbol{\mu}$
	$\boldsymbol{\mu}=(\mu_1,\cdots,\mu_k)\in\mathfrak{R}^k$ $\boldsymbol{\Sigma}$ 正定	$\boldsymbol{x}=(x_1,\cdots,x_k)\in\mathfrak{R}^k$	$\text{var}\{\boldsymbol{X}\}=\boldsymbol{\Sigma}$
正态	$X\sim\text{N}(\mu,\sigma^2)$	$f(x)=\frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma^2}}\exp\left\{-\frac{1}{2}\left(\frac{x-\mu}{\sigma}\right)^2\right\}$	$\text{E}\{X\}=\mu$
	$\mu\in\mathfrak{R},\sigma>0$	$x\in\mathfrak{R}$	$\text{var}\{X\}=\sigma^2$
学生 -t	$X\sim t_\nu$	$f(x)=\frac{\Gamma((\nu+1)/2)}{\Gamma(\nu/2)\sqrt{\pi\nu}}(1+x^2/\nu)^{-(\nu+1)/2}$	$\text{E}\{X\}=0(\nu>1)$
	$\nu>0$	$x\in\mathfrak{R}$	$\text{var}\{X\}=\frac{\nu}{\nu+2}(\nu>2)$
均匀	$X\sim\text{U}(a,b)$	$f(x)=\frac{1}{b-a}$	$\text{E}\{X\}=(a+b)/2$
	$a,b\in\mathfrak{R},a<b$	$x\in[a,b]$	$\text{var}\{X\}=(b-a)^2/12$
Weibull	$X\sim\text{Weibull}(a,b)$	$f(x)=abx^{b-1}\exp\{-ax^b\}$	$\text{E}\{X\}=\frac{\Gamma(1+1/b)}{a^{1/b}}$
	$a>0,b>0$	$x>0$	$\text{var}\{X\}=\frac{\Gamma(1+2/b)-\Gamma(1+1/b)^2}{a^{2/b}}$

统计中常用的多数分布都属于*指数分布族*. 一个具有 k 个参数的指数分布族函数可表示成

$$f(x|\boldsymbol{\gamma})=c_1(x)c_2(\boldsymbol{\gamma})\exp\left\{\sum_{i=1}^k y_i(x)\theta_i(\boldsymbol{\gamma})\right\}, \tag{1.17}$$

其中 c_1,c_2 为非负函数; 向量 $\boldsymbol{\gamma}$ 为常用参数, 如 Poisson 分布中的 λ 及二项分布中

的 p; 实值的 $\theta_i(\gamma)$ 为自然或典则参数, 它常是 $\boldsymbol{\gamma}$ 的变换; $y_i(x)$ 是典则参数的充分统计量. 容易证明

$$\mathrm{E}\{\mathbf{y}(X)\} = \kappa'(\boldsymbol{\theta}), \tag{1.18}$$

$$\mathrm{var}\{\mathbf{y}(X)\} = \kappa''(\boldsymbol{\theta}), \tag{1.19}$$

其中 $\kappa(\boldsymbol{\theta}) = -\log c_3(\boldsymbol{\theta})$, 这里的 $c_3(\boldsymbol{\theta})$ 是由 $c_2(\boldsymbol{\gamma})$ 通过典则参数 $\boldsymbol{\theta} = (\theta_1, \cdots, \theta_k)$ 与 $\boldsymbol{\gamma}$ 的变换得到的, 且 $\mathbf{y}(X) = (y_1(X), \cdots, y_k(X))$. 如用 $\boldsymbol{\gamma}$ 表示, 则有

$$\mathrm{E}\left\{\sum_{i=1}^{k} \frac{\mathrm{d}\theta_i(\boldsymbol{\gamma})}{\mathrm{d}\gamma_j} y_i(X)\right\} = -\frac{\mathrm{d}}{\mathrm{d}\gamma_j} \log c_2(\boldsymbol{\gamma}), \tag{1.20}$$

$$\mathrm{var}\left\{\sum_{i=1}^{k} \frac{\mathrm{d}\theta_i(\boldsymbol{\gamma})}{\mathrm{d}\gamma_j} y_i(X)\right\} = -\frac{\mathrm{d}^2}{\mathrm{d}\gamma_j^2} \log c_2(\boldsymbol{\gamma}) - \mathrm{E}\left\{\sum_{i=1}^{k} \frac{\mathrm{d}^2\theta_i(\boldsymbol{\gamma})}{\mathrm{d}\gamma_j^2} y_i(X)\right\}. \tag{1.21}$$

例 1.1 (Poisson) 如令 $c_1(x) = 1/x!, c_2(\lambda) = \exp\{-\lambda\}, y(x) = x, \theta(\lambda) = \log\lambda$, 则 Poisson 分布属于指数族分布. 为得到由 θ 表示的矩, 我们有 $\kappa(\theta) = \exp\{\theta\}$, 故 $\mathrm{E}\{X\} = \kappa'(\theta) = \exp\{\theta\} = \lambda, \mathrm{var}\{X\} = \kappa''(\theta) = \exp\{\theta\} = \lambda$. 注意到 $\frac{\mathrm{d}\theta}{\mathrm{d}\lambda} = \frac{1}{\lambda}$, 故由 (1.20) 和 (1.21) 可得到相同的结论. 例如, 由 (1.20) 可得 $\mathrm{E}\left\{\frac{X}{\lambda}\right\} = 1$. □

了解随机变量变换后的分布如何改变很重要. 设 $\boldsymbol{X} = (X_1, \cdots, X_p)$ 是一具有连续密度函数 f 的 p 维随机变量, 又设

$$\boldsymbol{U} = \boldsymbol{g}(\boldsymbol{X}) = (g_1(\boldsymbol{X}), \cdots, g_p(\boldsymbol{X})) = (U_1, \cdots, U_p), \tag{1.22}$$

其中 $\boldsymbol{g}$ 是一由 f 的支撑区域到使 $f(\boldsymbol{x}) > 0$ 的所有 $\boldsymbol{u} = g(\boldsymbol{x})$ 的空间的一一映射. 为由 $\boldsymbol{X}$ 得到 $\boldsymbol{U}$ 的概率分布, 我们要应用 Jacobian 矩阵. 变换后随机变量的密度为

$$f(\boldsymbol{u}) = f(\boldsymbol{g}^{-1}(\boldsymbol{u}))|\boldsymbol{J}(\boldsymbol{u})|, \tag{1.23}$$

其中 $|\boldsymbol{J}(\boldsymbol{u})|$ 是 (i, j) 元素为 $\frac{\mathrm{d}x_i}{\mathrm{d}u_j}$ 的 $\boldsymbol{g}^{-1}$ 的 Jacobian 矩阵在 $\boldsymbol{u}$ 点取值的行列式的绝对值 (假设上述导数在 $\boldsymbol{U}$ 的支撑区域上连续).

1.4 似然推断

假设 $\boldsymbol{X}_1, \cdots, \boldsymbol{X}_n$ 为来自密度函数为 $f(\boldsymbol{x}|\boldsymbol{\theta})$ 的独立同分布 (简记为 i.i.d.) 样本, 其中 $\boldsymbol{\theta} = (\theta_1, \cdots, \theta_p)$ 为 p 维未知参数, 则联合似然函数为

$$L(\boldsymbol{\theta}) = \prod_{i=1}^{n} f(\boldsymbol{x}_i|\boldsymbol{\theta}). \tag{1.24}$$

当数据不是独立同分布时, 联合似然函数仍可表成联合密度 $f(\boldsymbol{x}_1,\cdots,\boldsymbol{x}_n|\boldsymbol{\theta})$, 它仍是 $\boldsymbol{\theta}$ 的函数.

观测到的数据 $\boldsymbol{x}_1,\cdots,\boldsymbol{x}_n$ 可能是参数 $\boldsymbol{\theta}$ 在多个不同值下的实现, 于是它们最有可能组成参数 $\boldsymbol{\theta}$ 的*极大似然估计*. 换句话说, 如果 $\hat{\boldsymbol{\vartheta}}$ 是极大化 $L(\boldsymbol{\theta})$ 的关于 $\boldsymbol{x}_1,\cdots,\boldsymbol{x}_n$ 的函数, 则 $\hat{\boldsymbol{\theta}}=\hat{\boldsymbol{\vartheta}}(\boldsymbol{X}_1,\cdots,\boldsymbol{X}_n)$ 是 $\boldsymbol{\theta}$ 的*极大似然估计* (MLE). 由于 MLE 具有变换不变性, 故 $\boldsymbol{\theta}$ 的一个变换的 MLE 就等于 $\hat{\boldsymbol{\theta}}$ 的变换.

人们经常应用的是*对数似然函数*

$$l(\boldsymbol{\theta})=\log L(\boldsymbol{\theta}). \tag{1.25}$$

由于对数函数是凸函数, 故对数似然函数与原来的似然函数有相同的最大值. 另外, 由于在对数似然函数中加上任何仅依赖于 $\boldsymbol{x}_1,\cdots,\boldsymbol{x}_n$ 而与 $\boldsymbol{\theta}$ 无关的常数都不影响最值的位置或针对不同 $\boldsymbol{\theta}$ 的对数似然函数的差, 故它可以从对数似然函数中去掉. 注意到求 $L(\boldsymbol{\theta})$ 的极大值等价于解方程组

$$\boldsymbol{l}'(\boldsymbol{\theta})=\boldsymbol{0}, \tag{1.26}$$

其中 $\boldsymbol{l}'(\boldsymbol{\theta})=\left(\frac{\mathrm{d}l(\boldsymbol{\theta})}{\mathrm{d}\theta_1},\cdots,\frac{\mathrm{d}l(\boldsymbol{\theta})}{\mathrm{d}\theta_p}\right)$ 称为*得分函数*. 得分函数满足

$$\mathrm{E}\{\boldsymbol{l}'(\boldsymbol{\theta})\}=\boldsymbol{0}, \tag{1.27}$$

其中期望是关于 $\boldsymbol{X}_1,\cdots,\boldsymbol{X}_n$ 的分布求取的. 有时由 (1.26) 的解析解可求得 MLE. 当 MLE 并不能由 (1.26) 解析求得时, 本书将给出其他多种求取 MLE 的方法. 但我们注意到也存在 MLE 不是得分方程的解或 MLE 不存在的情况, 例子见 [109].

由于 MLE 依赖于 $\boldsymbol{X}_1,\cdots,\boldsymbol{X}_n$ 的观测值, 故它有抽样分布. MLE 可能是 $\boldsymbol{\theta}$ 的有偏或无偏估计, 但当 $n\to\infty$ 且在很一般的条件下, 它是渐近无偏的. MLE 的抽样方差依赖于对数似然的平均曲率. 当对数似然非常尖时, 其最值的位置可以较精确地确定.

为确定此精度, 令 $\boldsymbol{l}''(\boldsymbol{\theta})$ 表示 (i,j) 元素为 $\frac{\mathrm{d}^2\boldsymbol{l}(\boldsymbol{\theta})}{\mathrm{d}\theta_i\mathrm{d}\theta_j}$ 的 $p\times p$ 阶矩阵. 则定义*Fisher 信息矩阵*为

$$\boldsymbol{I}(\boldsymbol{\theta})=\mathrm{E}\{\boldsymbol{l}'(\boldsymbol{\theta})\boldsymbol{l}'(\boldsymbol{\theta})^{\mathrm{T}}\}=-\mathrm{E}\{\boldsymbol{l}''(\boldsymbol{\theta})\}, \tag{1.28}$$

上式中的期望关于 $\boldsymbol{X}_1,\cdots,\boldsymbol{X}_n$ 的分布求取. 注意, (1.28) 中的最后一个等式需要的条件较弱, 且指数分布族满足此条件. 有时为与*观测到的 Fisher 信息量* $\boldsymbol{l}''(\boldsymbol{\theta})$ 加以区别, 也称 $\boldsymbol{I}(\boldsymbol{\theta})$ 为*期望的 Fisher 信息量*. 观测的 Fisher 信息量之所以有用, 其原因有两个: 第一, 当 (1.28) 式的期望难于计算时, 此值仍可以计算; 第二, 它是 $\boldsymbol{I}(\boldsymbol{\theta})$ 的一个很好的近似, 且当 n 增加时, 这种近似越来越好.

在正则条件下, MLE$\hat{\boldsymbol{\theta}}$ 的渐近协方差阵为 $\boldsymbol{I}(\boldsymbol{\theta}^*)^{-1}$, 其中 $\boldsymbol{\theta}^*$ 为 $\boldsymbol{\theta}$ 的真值. 事实上, 当 $n\to\infty$ 时, $\hat{\boldsymbol{\theta}}$ 的极限分布是 $N_p(\boldsymbol{\theta}^*,\boldsymbol{I}(\boldsymbol{\theta}^*)^{-1})$. 由于参数真值未知, 故为估计

MLE 的协方差阵, 我们必须估计 $\boldsymbol{I}(\boldsymbol{\theta}^*)$, 并且一个显然的估计即为 $\boldsymbol{I}(\hat{\boldsymbol{\theta}})^{-1}$. 另外, 使用估计 $-\boldsymbol{l}''(\hat{\boldsymbol{\theta}})^{-1}$ 也是合理的. 因此, 每一个参数的 MLE 的标准误差都可以用估计 $\boldsymbol{I}(\boldsymbol{\theta}^*)^{-1}$ 的相应对角元的平方根来估计. 关于极大似然理论的较详细介绍和关于 $\boldsymbol{I}(\boldsymbol{\theta}^*)^{-1}$ 的各种估计的优点, 请参见 [109, 158, 325, 401].

偏似然(profile likelihood) 为我们提供了一种有效绘制高维似然曲面的方法, 并提供了一种有效的、用来推断部分参数而把其余参数看作讨厌参数的方法, 同时, 它也可用来处理各种优化问题. 偏似然是由全似然求取部分参数约束下的极大值而得到的, 即, 如果 $\boldsymbol{\theta} = (\boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\phi})$, 则关于 $\boldsymbol{\phi}$ 的偏似然为

$$L(\boldsymbol{\phi}|\hat{\boldsymbol{\mu}}(\boldsymbol{\phi})) = \max_{\boldsymbol{\mu}} L(\boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\phi}). \tag{1.29}$$

这样, 对于每一个 $\boldsymbol{\phi}$, 选取 $\boldsymbol{\mu}$ 使 $L(\boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\phi})$ 极大化, 而 $\boldsymbol{\mu}$ 的最优值正是 $\boldsymbol{\phi}$ 的函数. 于是, 偏似然是 ϕ 的函数, 而此函数将 $\boldsymbol{\phi}$ 映射到在 $\boldsymbol{\phi}$ 及其相对应的最优 $\boldsymbol{\mu}$ 处的全似然的值. 注意到极大化偏似然 $L(\boldsymbol{\phi}|\hat{\boldsymbol{\mu}}(\boldsymbol{\phi}))$ 的 $\hat{\boldsymbol{\phi}}$ 就是由极大化全似然 $L(\boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\phi})$ 得到的 $\boldsymbol{\phi}$ 的 MLE. 有关偏似然的方法请见 [21].

1.5 Bayes 推断

在 Bayes 推断中, 由于参数被看作随机变量, 故概率分布也与似然的参数有关. 在参数空间中用来定义参数的主观相对概率的概率分布反映了人们对参数不确定性的认知.

假设 $\boldsymbol{X}$ 的分布包含参数 $\boldsymbol{\theta}$. 以 $f(\boldsymbol{\theta})$ 表示观测数据前关于 $\boldsymbol{\theta}$ 的密度, 则称其为*先验分布*. 它可能基于以前的数据或分析 (初步研究) 得到, 也可能反代表纯粹的个人主观信息, 或只是想选取一个对最终推断影响有限的分布.

在本书中, 我们以 $L(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})$ 表示导出 Bayes 推断的似然. 当有了 $\boldsymbol{\theta}$ 的先验分布和用来提供有关 $\boldsymbol{\theta}$ 信息的观测数据后, 人们的先验信息必须进行更新, 以反映包含在似然中关于 $\boldsymbol{\theta}$ 的信息, 其更新机制即为 Bayes 定理:

$$f(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x}) = cf(\boldsymbol{\theta})f(\boldsymbol{x}|\boldsymbol{\theta}) = cf(\boldsymbol{\theta})L(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x}), \tag{1.30}$$

其中称 $f(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})$ 为 $\boldsymbol{\theta}$ 的*后验密度*, 而 $\boldsymbol{\theta}$ 的后验分布常用来做关于 $\boldsymbol{\theta}$ 的统计推断. 上式中的常数 c 等于 $\int f(\boldsymbol{\theta})L(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})\mathrm{d}\boldsymbol{\theta}$, 且经常难于直接计算, 但在某些推断中我们并不需要求 c. 本书将给出多种进行 Bayes 推断的方法, 其中包括对 c 的估计.

令 $\tilde{\boldsymbol{\theta}}$ 为 $\boldsymbol{\theta}$ 的后验众数, $\boldsymbol{\theta}^*$ 为 $\boldsymbol{\theta}$ 的真值. 在正则条件下, 当 $n \to \infty$ 时, $\tilde{\boldsymbol{\theta}}$ 的后验分布收敛于 $N(\boldsymbol{\theta}^*, \boldsymbol{I}(\boldsymbol{\theta}^*)^{-1})$, 这与 $\boldsymbol{\theta}$ 的 MLE 的极限分布相同. 由此收敛可以看出, 当 $n \to \infty$ 时, 观测数据淹没了任何先验.

假设检验的 Bayes 评价依赖于如下的*Bayes 因子*. 在两个假设或模型 H_1, H_2 下的后验概率之比为

$$\frac{P[H_2|\boldsymbol{x}]}{P[H_1|\boldsymbol{x}]} = \frac{P[H_2]}{P[H_1]} B_{2,1}, \tag{1.31}$$

其中 $P[H_i|\mathbf{x}]$ 为后验概率, $P[H_i]$ 为先验概率, 且

$$B_{2,1} = \frac{f(\boldsymbol{x}|H_2)}{f(\boldsymbol{x}|H_1)} = \frac{\int f(\boldsymbol{\theta}_2|H_2) f(\boldsymbol{x}|\boldsymbol{\theta}_2, H_2) \mathrm{d}\boldsymbol{\theta}_2}{\int f(\boldsymbol{\theta}_1|H_1) f(\boldsymbol{x}|\boldsymbol{\theta}_1, H_1) \mathrm{d}\boldsymbol{\theta}_1}, \tag{1.32}$$

其中 $\boldsymbol{\theta}_i$ 为在第 i 个假设下的参数. 量 $B_{2,1}$ 就是 Bayes 因子. 它表示的含义为：当给定数据后, 用先验机会比乘此量就可得到后验机会比. 至于似然比方法, 我们要求假设 H_1, H_2 不能相互嵌套. 关于 Bayes 因子的计算和解释请参见 [321].

Bayes 区间估计经常依赖于 95%*最大后验密度*(highest posterior density, HPD) 区域. 一个参数的 HPD 区域是指满足如下条件的总长度最短的区域：参数落入此区域的后验概率为 95%, 且此区域内任一点的后验密度均不小于此区域外任一点的密度值. 当后验为单峰时, HPD 就是包含 95% 后验概率的最窄区间. *可信区间*(credible interval) 是 Bayes 推断中更一般的区间估计. $100(1-\alpha)\%$ 可信区间是介于后验分布的 $\alpha/2$ 和 $1-\alpha/2$ 分位数间的区域. 当后验密度对称且单峰时, HPD 与可信区间相同.

Bayes 推断方法的一个基本优点就是它的可信区间和其他推断易于解释. 例如, 人们可以说参数落入某区域的后验概率. 当然也有关于 Bayes 方法理论基础的研究, 见 [25]. Gelman 等人在 [194] 中给出了有关 Bayes 理论和方法的综述.

最好的先验分布都基于先验数据. 一个便于代数运算的策略就是寻找共轭的先验. *共轭先验*(conjugate prior) 分布就是那些能导致后验与先验属同一分布族的先验. 指数族是天生的、具有共轭先验分布的唯一分布族.

当先验信息很少时, 要保证所取的先验分布对后验推断影响不大是非常重要的. 强烈受到先验影响的后验被称为对先验的*高敏感性*. 现有多种可减少敏感性的方法. 最简单的方法就是取在一个比由数据支持的参数区域更广的区域中的均匀分布作为先验. 另外, 一个更正规的方法是应用 Jeffrey 先验, 见 [307]. 对于单参数情形, Jeffreys 先验是 $f(\theta) \propto I(\theta)^{-1/2}$, 其中 $I(\theta)$ 为 Fisher 信息量. 此方法也可推广到多参数情形. 在某些情形下, 可以考虑应用不规范先验 $f(\boldsymbol{\theta}) \propto 1$, 但此先验有可能导致不规范的后验 (如不可积), 并且也可能无法给问题的参数在提供任何信息.

例 1.2 (正态–正态共轭 Bayes 模型) 考虑基于独立同分布样本 $X_1, \cdots, X_n$ 的 Bayes 推断, 其中 $X_i|\theta \sim N(\theta, \sigma^2)$ 且 σ^2 已知. 对于此时的似然, 正态先验是共轭的. 假设 θ 的先验为：$\theta \sim N(\mu, \tau^2)$, 则后验密度为

$$f(\theta|\boldsymbol{x}) \propto f(\theta)\prod_{i=1}^{n} f(x_i|\theta) \tag{1.33}$$

$$\propto \exp\left\{-\frac{1}{2}\left(\frac{(\theta-\mu)^2}{\tau^2}+\frac{\sum_{i=1}^{n}(x_i-\theta)^2}{\sigma^2}\right)\right\} \tag{1.34}$$

$$\propto \exp\left\{-\frac{1}{2}\left(\theta-\frac{\frac{\mu}{\tau^2}+\frac{n\bar{x}}{\sigma^2}}{\frac{1}{\tau^2}+\frac{n}{\sigma^2}}\right)^2 \Big/ \left(\frac{1}{\frac{1}{\tau^2}+\frac{n}{\sigma^2}}\right)\right\}, \tag{1.35}$$

其中 $\bar{x}$ 为样本均值. 注意到 (1.35) 仍具有正态分布的形式, 故我们有 $f(\theta|\mathbf{x}) = N(\mu_n, \tau_n^2)$, 其中

$$\tau_n^2 = \frac{1}{\frac{1}{\tau^2}+\frac{n}{\sigma^2}}, \tag{1.36}$$

$$\mu_n = \left(\frac{\mu}{\tau^2}+\frac{n\bar{x}}{\sigma^2}\right)\tau_n^2. \tag{1.37}$$

于是, θ 的 95% 的后验可信区间为 $(\mu_n - 1.96\tau_n, \mu_n + 1.96\tau_n)$. 由于正态分布是对称的, 故它也是 θ 的后验 95% 的 HPD.

对于固定的 σ, 下面考虑增大 τ 的值. 当 $\tau^2 \to \infty$ 时, θ 的后验方差收敛于 σ^2/n. 这就是说, 当先验方差增大时, 先验对后验的影响在逐步消失. 另外, 注意到 $\lim\limits_{n\to\infty} \frac{\tau_n^2}{\sigma^2/n} = 1$. 此式说明, 当样本容量增加时, θ 的后验方差与 MLE$\hat{\theta} = \bar{X}$ 的抽样方差渐近相等, 即此时 τ 的影响被消除.

作为共轭先验的替补, 我们考虑非规范先验 $f(\theta) \propto 1$. 此时, $f(\theta|\mathbf{x}) = N(\bar{x}, \sigma^2/n)$, 且 95% 的后验可信区间就是由频率方法得到的标准的 95% 的置信区间. □

1.6 统计极限理论

尽管本书最关心的是对各种方法如何工作及是否有效的验证, 但有时更精确地讲述由某些方法产生的估计的极限行为是非常有益的. 下面我们将回顾概率统计中的几个基本的收敛概念.

称一个随机变量列 $X_1, X_2, \cdots$,*依概率收敛*到随机变量 X, 如果对于任意的 $\epsilon > 0$, $\lim\limits_{n\to\infty} P[|X_n - X| < \epsilon] = 1$. 称此随机变量列*几乎处处收敛*到 X, 如果对于任意的 $\epsilon > 0$, $P[\lim\limits_{n\to\infty} |X_n - X| < \epsilon] = 1$. 称此随机变量列*依分布收敛*到 X, 如果在 F_X 的任一连续点 x, 都有 $\lim\limits_{n\to\infty} F_{X_n}(x) = F_X(x)$. 称一个随机变量 X *几乎处处*具有性质 A, 如果 $P[A] = \int 1_{\{A\}} f_X(x)\mathrm{d}x = 1$.

在统计中, 大数定律与中心极限定理是流传久远的收敛定理. 对于一维的独立同分布随机变量列 $X_1, \cdots, X_n$, 记 $\bar{X}_n = \sum_{i=1}^{n} X_i/n$. *弱大数定律*指出: 如果

$\mathrm{E}\{|X_i|\} < \infty$, 则 $\bar{X}_n$ 依概率收敛到 $\mu = \mathrm{E}\{X_i\}$. **强大数定律**指出: 如果 $\mathrm{E}\{|X_i|\} < \infty$, 则 $\bar{X}_n$ 几乎处处收敛到 $\mu = \mathrm{E}\{X_i\}$. 在某些较严格但易验证的条件下, 如 $\mathrm{var}\{X_i\} = \sigma^2 < \infty$, 上述两个结论均成立.

如果 θ 是一个参数, T_n 是一个基于 $X_1, \cdots, X_n$ 的统计量, 则称 T_n 是 θ 的**弱或强相合估计**, 如果 T_n 分别依概率或几乎处处收敛到 θ. 如果 $\mathrm{E}\{T_n\} = \theta$, 则称 T_n 是无偏的, 否则其偏差为 $\mathrm{E}\{T_n\} - \theta$. 如果当 $n \to \infty$ 时, 其偏差趋于 0, 则它是渐近无偏的.

下面给出中心极限定理的简单形式. 假设独立同分布随机变量列 $X_1, \cdots, X_n$ 具有均值 μ 和有限方差 σ^2, 且 $\mathrm{E}\{\exp\{tX_i\}\}$ 在 $t = 0$ 的一个临域内存在. 则当 $n \to \infty$ 时, 随机变量 $T_n = \sqrt{n}(\bar{X}_n - \mu)/\sigma$ 依分布收敛到标准正态随机变量. 中心极限定理的形式多种多样. 一般来讲, 方差有限的条件很关键, 而独立同分布的条件在某些情况下可以放松.

1.7 马 氏 链

本节我们将简单介绍一下单变量的离散时间及离散状态空间的马氏链. 第 7, 8 章将用到马氏链. 有关马氏链的较详细介绍可参见 [467], 更高层次的研究请见 [393, 460].

考虑一随机变量列 $\{X^{(t)}\}, t = 0, 1, \cdots$, 其中每一个 $X^{(t)}$ 均可能取有限或可列个数值中的一个. 称这些值为**状态**. 记号 $X^{(t)} = j$ 意味着此过程在 t 时刻处于状态 j. 称随机变量 $X^{(t)}$ 的所有可能取值的集合 $\mathcal{S}$ 为**状态空间**.

从概率角度完全刻画 $X^{(0)}, \cdots, X^{(n)}$ 的是作为随机变量历史值的条件分布之积的联合分布, 即

$$P\left[X^{(0)}, \cdots, X^{(n)}\right] = P\left[X^{(n)}|x^{(0)}, \cdots, x^{(n-1)}\right] \times P\left[X^{(n-1)}|x^{(0)}, \cdots, x^{(n-2)}\right] \times \cdots \times P\left[X^{(1)}|x^{(0)}\right] P\left[X^{(0)}\right]. \tag{1.38}$$

在独立性假设

$$P\left[X^{(t)}|x^{(0)}, \cdots, x^{(t-1)}\right] = P\left[X^{(t)}|x^{(t-1)}\right] \tag{1.39}$$

下, (1.38) 式可被简化. 此时, 观测到的下一个状态仅依赖于当前状态, 这就是**马氏性**, 有时也称为一步记忆. 在这种情况下, 我们有

$$P\left[X^{(0)}, \cdots, X^{(n)}\right] = P\left[X^{(n)}|x^{(n-1)}\right] \times P\left[X^{(n-1)}|x^{(n-2)}\right] \times \cdots \times P\left[X^{(1)}|x^{(0)}\right] P\left[X^{(0)}\right]. \tag{1.40}$$

令 $p_{ij}^{(t)}$ 为从 t 时刻状态 i 转移到 $t+1$ 时刻状态 j 的概率. 如果对所有的 $t=0,1,\cdots$ 和 $x^{(0)},x^{(1)},\cdots,x^{(t-1)},i,j\in\mathcal{S}$, 有

$$\begin{aligned} p_{ij}^{(t)} &= P\left[X^{(t+1)}=j|X^{(0)}=x^{(0)},X^{(1)}=x^{(1)},\cdots,X^{(t)}=i\right] \\ &= P\left[X^{(t+1)}=j|X^{(t)}=i\right], \end{aligned} \tag{1.41}$$

则称序列 $\{X^{(t)}\},t=0,1,\cdots$ 是一条**马氏链**, 且称 $p_{ij}^{(t)}$ 为**一步转移概率**. 如果一步转移概率不随 t 改变, 则称此链为**时间齐性的**, 且 $p_{ij}^{(t)}=p_{ij}$. 如果每个一步转移概率均随时间 t 在变化, 则称此链为**时间非齐性的**.

一条马氏链的性质由其**转移概率阵**所决定. 不失一般性, 假设状态空间 $\mathcal{S}$ 中的 s 个状态均取整数, 则以 $\boldsymbol{P}$ 记一个时间齐性马氏链的 $s\times s$ 的转移概率阵, 其 (i,j) 元为 p_{ij}. $\boldsymbol{P}$ 中的每个元素都必须介于 0 和 1 之间, 且每行之和等于 1.

例 1.3 (旧金山气候) 我们考虑旧金山的日降雨量. 表 1.4 给出了 1 814 对相继两天的降雨结果 (见 [417]), 这些数据取自每年的 11 月到次年 3 月的测量结果, 且从 1990 年 11 月开始到 2002 年 3 月结束. 旧金山在这些月份中的降雨量占据了全年的 80%. 我们把每天考虑成两种情形: 如果记录到一天的降雨量多于 0.01 英寸, 则称之为有雨; 否则就称为无雨. 于是, $\mathcal{S}$ 有两个元素: 有雨与无雨. 以随机变量 $X^{(t)}$ 表示第 t 天的状态.

表 1.4 例 1.3 中旧金山的降雨数据

	今天有雨	今天无雨
昨天有雨	418	256
昨天无雨	256	884

在假设时间齐性的条件下, $X^{(t)}$ 的转移概率阵的估计值为

$$\hat{\boldsymbol{P}}=\begin{bmatrix} 0.620 & 0.380 \\ 0.224 & 0.775 \end{bmatrix}. \tag{1.42}$$

显然, 旧金山有雨与无雨的天气状态不是独立的, 这是因为: 有雨后很有可能仍有雨, 而无雨后仍无雨的可能性最高. □

马氏链的极限理论对本书多数方法的讨论非常重要. 下面, 我们将简单介绍其中的一些结论.

我们称能以概率 1 回来的状态为**常返的**, 称一个平均返回时间有限的常返状态为**非零常返的**. 如果状态空间有限的话, 其常返状态都是非零常返的.

称一条马氏链是**不可约的**, 如果从其任一状态 i 经有限步后都可到达任一状态 j. 也就是说, 对于任两个状态 i,j, 都存在 $m>0$ 使得 $P[X^{(m+n)}=i|X^{(n)}=j]>0$.

称一条马氏链是**周期的**, 如果经过某些周期性步长后可能达到状态空间的某部分. 称状态 j 具有**周期**d, 如果由状态 j 经非 d 整数倍步到达 j 的概率为 0. 如果一条马氏链的每一个状态的周期都为 1, 则称此链为**非周期的**. 如果一条马氏链是不可约、非周期, 且其所有状态都是非零常返的, 则称之为**遍历的**.

令 $\boldsymbol{\pi}$ 表示和为 1 的概率向量, 且其第 i 个元素 π_i 表示 $X^{(t)}=i$ 的边际概率, 则 $X^{(t+1)}$ 的边际概率分布为 $\boldsymbol{\pi}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{P}$. 任一离散概率分布 $\boldsymbol{\pi}$, 若它满足 $\boldsymbol{\pi}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{P}=\boldsymbol{\pi}^{\mathrm{T}}$, 则称之为 $\boldsymbol{P}$ 或转移概率阵为 $\boldsymbol{P}$ 的马氏链的**平稳分布**. 如果 $X^{(t)}$ 服从一平稳分布, 则 $X^{(t)}$ 和 $X^{(t+1)}$ 的边际分布相同.

如果一条时间齐性的马氏链满足

$$\pi_i p_{ij} = \pi_j P_{ji},\ \forall\, i,j \in \mathcal{S}, \tag{1.43}$$

则 $\boldsymbol{\pi}$ 是此链的平稳分布, 且称此链为**可逆的**. 其原因为: 此链的正向或反向观测值序列的联合分布是相同的. 方程 (1.43) 也称为**细致平衡** (detailed balance).

如果一个转移概率阵为 $\boldsymbol{P}$, 平稳分布为 $\boldsymbol{\pi}$ 的马氏链是不可约的且非周期的, 则 $\boldsymbol{\pi}$ 唯一, 且满足

$$\lim_{n\to\infty} P\left[X^{(t+n)}=j|X^{(t)}=i\right]=\pi_j, \tag{1.44}$$

其中 π_j 是 $\boldsymbol{\pi}$ 的第 j 个元素, 且满足如下方程组:

$$\pi_j \geqslant 0, \sum_{i\in\mathcal{S}}\pi_i = 1,\ \text{且}\ \pi_j=\sum_{i\in\mathcal{S}}\pi_i p_{ij},\ \forall\, j\in\mathcal{S}. \tag{1.45}$$

我们重述和推广 (1.44) 式如下: 如果 $X^{(1)}, X^{(2)}, \cdots$ 是一不可约、非周期的平稳分布为 $\boldsymbol{\pi}$ 的马氏链值, 则 $X^{(n)}$ 依分布收敛到分布为 $\boldsymbol{\pi}$ 的随机变量, 且对任一函数 h, 当 $\mathrm{E}_{\boldsymbol{\pi}}\{|h(X)|\}$ 存在, 且 $n\to\infty$ 时, 以概率 1 有 ([510])

$$\frac{1}{n}\sum_{t=1}^{n} h(X^{(t)}) \to \mathrm{E}_{\boldsymbol{\pi}}\{h(X)\}. \tag{1.46}$$

这就是作为强大数定律推广形式的**遍历定理**.

本节仅考虑了离散状态空间的马氏链. 我们将在第 7, 8 章把上述思想推广到连续状态空间的情形. 对于连续状态空间和多元随机变量的原理和结果都与本章讨论的类似.

1.8 计　算

如果你不熟悉计算机编程或希望学习一种新语言, 则最好立刻去学. S-Plus 是学习或教授统计计算的首选语言, 但我们尽量避免在本书内容中指定某种语言. R

语言是免费的且与 S-Plus 互有补充. 本书中的多数方法都很容易由其他用于数学和统计的高级计算机语言来实现, 如 SAS 和 MATLAB 等. 编程也可用 Java 及其他低级语言, 如 C++ 和 Fortran 等. 总之, 其指导思想就是: 计算需要在高级语言的易于计算与低级语言的计算速度间的折衷. 本书的主页给出了上述和其他有用软件的链接, 也给出了本书某些方法的程序.

从理想的角度看, 一个人的计算机编程能力包括对计算机运算的基本理解, 即在计算机的二进制世界里如何实现一个实数及数学运算. 虽然本书侧重高级计算问题, 但是, 我们所讲的算法均要求考虑计算机运算的多次重复或处理此类问题的可用程序. 对此内容有兴趣的读者请参见 [334].

第 2 章　优化与求解非线性方程组

极大似然估计是统计推断的核心. 学习 MLE 的理论表现和其解析形式的导出都需要大量时间和精力. 然而, 当面临没有解析形式的复杂似然时, 多数人仍不知如何处理.

多数函数都没有解析形式的优化解. 比如, 当通过令其关于 x 的导数等于 0 来求解函数 $g(x) = \log x/(1+x)$ 的最大值时, 可能会导致 $1 + 1/x - \log x = 0$ 没有代数解析解的僵局. 实际上, 包括似然等统计中许多常用方法都可能无法得到解析解, 于是, 一个较现实方法就是减少对解析最优解的依赖.

除极大似然外, 统计学家也面临着其他的优化问题. 例如, 在 Bayes 决策问题中的最小风险、非线性最小二乘问题的求解、多个分布的最高后验密度区间的求取以及其他一些包含最优化的问题等. 上述问题的求解都属于如下的一般问题：一个实值函数 g 关于其 p 维自变量 $\boldsymbol{x}$ 的最优化. 本章将仅限于考虑 g 关于 $\boldsymbol{x}$ 为光滑且可微的情形. 第 3 章将考虑 g 在离散区域上的优化问题. 由于最大化一个函数等价于其负值的最小化, 故区别最大与最小的意义不大. 于是作为惯例, 我们一般将考虑求取最大值的算法.

对于极大似然估计, g 是对数似然函数 l, $\boldsymbol{x}$ 对应着参数向量 $\boldsymbol{\theta}$. 如果 $\hat{\boldsymbol{\theta}}$ 是 MLE, 则它最大化其对数似然, 即 $\hat{\boldsymbol{\theta}}$ 是得分方程

$$\boldsymbol{l}'(\boldsymbol{\theta}) = \boldsymbol{0} \tag{2.1}$$

的解, 其中 $\boldsymbol{l}'(\boldsymbol{\theta}) = \left(\frac{\mathrm{d}l(\boldsymbol{\theta})}{\mathrm{d}\theta_1}, \cdots, \frac{\mathrm{d}l(\boldsymbol{\theta})}{\mathrm{d}\theta_n}\right)^{\mathrm{T}}$, $\boldsymbol{0}$ 是元素为 0 的列向量.

我们即可看出, 优化问题与求解非线性方程组密切相联. 于是, 重新理解本章内容为方程组求解比理解为求解优化问题更合理, 如求取 MLE 就相当于求解得分方程的根. g 的最大值就是方程 $g'(\boldsymbol{x}) = \boldsymbol{0}$ 的解 (相反, 人们也可以通过极小化 $|g'(x)|$ 把单变量的求解问题转换成优化问题, 其中 g' 是一个需要求其根的函数).

当方程组 $\boldsymbol{g}'(\boldsymbol{x}) = \boldsymbol{0}$ 没有解析解时, 求其解很困难. 此时, 多数方程组是非线性的. 而当方程组是线性时, 因其个数很多, 其解仍很难求取. 这样的线性方程组可以利用线性规划方法, 如单纯形法 (见 [114, 173, 217, 425]) 和内点法 (见 [304, 318, 465]) 来求解. 本书将不再介绍这些方法.

我们可以利用多个畅销的数学优化软件来解决非线性光滑函数的优化问题, 其中多数程序都是非常有效的. 于是, 本书将不重点考虑这些能利用现有软件可获得

很好解决的优化问题. 例如, 虽然均匀随机数在统计计算中具有很重要的作用, 但由于它很容易由高级软件程序求得, 故本书将不再讲述它的产生问题. 那什么样的优化问题被认为是与众不同的? 时刻都需要优化软件处理一个新的优化函数的问题就是与众不同的. 如对于一些较难处理的似然, 即使最好的优化软件也经常无法直接应用, 而要略作修改才可以求解. 因此, 用户必须充分理解优化如何进行才能顺利地解决此类问题.

我们先研究单变量的优化问题. 2.2 节将其推广到多变量问题. 第 3 章将介绍离散空间上的优化问题, 而第 4 章将涉及缺失数据的特殊情况.

关于优化方法的相关参考文献包括 [173, 217, 133, 405, 415, 422].

2.1　单变量问题

本节将要讨论的一个简单单变量数值优化问题就是求取函数

$$g(x)=\frac{\log x}{1+x} \tag{2.2}$$

关于 x 的最大值. 由于不存在解析解, 故我们借助于迭代方法以求得其近似解. 由图 2.1 给出的 $g(x)$ 的图像可以看出其最大值点在 3 附近. 于是, 我们有理由选取 $x^{(0)}=3.0$ 作为迭代的**初值**. 如当前值为 $x^{(t)}(t=0,1,2,\cdots)$ 时, 则由**更新方程**可得到一个更新 $x^{(t+1)}$, 直至迭代结束. 此时的更新可由求方程 $g'(x)=\frac{1+1/x-\log x}{(1+x)^2}$ 的根得到, 也可由其他合理的方法得到.

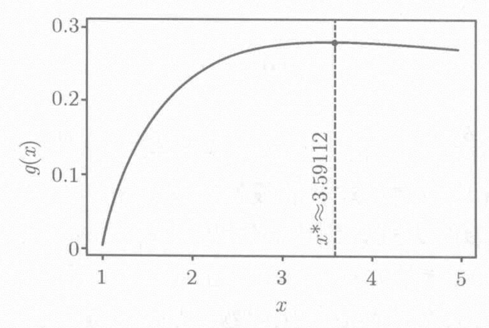


图 2.1　$g(x)=\frac{\log x}{1+x}$ 的最大值点为 $x^*\approx 3.591\ 12$, 由图中竖直虚线表示

下面以**二分法**(bisection method) 为例来说明迭代求根过程. 如果 g' 在区间 $[a_0,b_0]$ 上连续, 且 $g'(a_0)g'(b_0)\leqslant 0$, 则由中值定理 ([473]) 知, 至少存在一个 $x^*\in[a_0,b_0]$, 使得 $g'(x^*)=0$, 即 x^* 是 g 的局部最优值. 为求得最优解, 把区间 $[a_0,b_0]$ 缩短至 $[a_1,b_1]$, 再到区间 $[a_2,b_2]$ 等等, 其中 $[a_0,b_0]\supset[a_1,b_2]\supset[a_2,b_2]\supset\cdots$.

设 $x^{(0)}=(a_0+b_0)/2$ 为初值, 则更新方程为

$$[a_{t+1}, b_{t+1}] = \begin{cases} [a_t, x^{(t)}], & \text{如果 } g'(a_t)g'(x^{(t)}) \leqslant 0, \\ [x^{(t)}, b_t], & \text{如果 } g'(a_t)g'(x^{(t)}) > 0, \end{cases} \tag{2.3}$$

且

$$x^{(t+1)} = (a_{t+1} + b_{t+1})/2. \tag{2.4}$$

如果 g 在初始区间内的根多于 1 个, 则容易看到二分法将只找到其中一个, 而找不到其余的根.

例 2.1 (一个简单的单变量优化) 为找到 (2.2) 的最大值点 x, 我们可以取 $a_0 = 1, b_0 = 5, x^{(0)} = 3$. 图 2.2 给出了利用二分法求这个简单函数最值的前几步. □

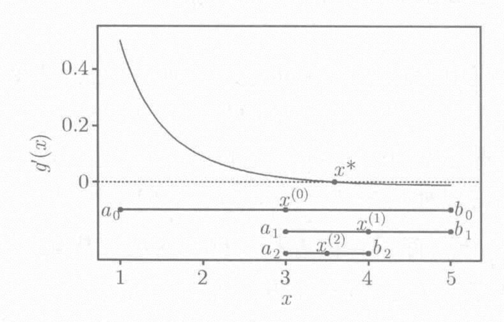


图 2.2 例 2.1 的二分法图示. 此图的上半部分给出了 $g'(x)$ 和它的根 x^*, 下半部分给出了取 $(a_0, b_0) = (1, 5)$ 时二分法的前三个区间. 根的第 t 个估计为第 t 个区间的中心

假设 $g(x)$ 关于 x 的最大值在 x^* 达到, 则当 $t \to \infty$ 时, 任何迭代方法都希望更新方程满足 $x^{(t)} \to x^*$. 然而它们都无法保证 $x^{(t)}$ 收敛, 更不用说收敛到 x^*.

实际上, 我们不允许程序的运行结果是不确定的, 于是, 我们需要一个基于某种收敛准则的停止准则以便结束迭代运算从而取得近似值. 在每一步迭代, 都将检验此停止准则. 当满足收敛准则时, 即取最近的 $x^{(t+1)}$ 作为所求值. 停止的原因有两个: 如果程序已经达到令人满意的收敛或看起来不可能很快取得满意的结果, 就停止.

通过跟踪 $g'(x^{(t+1)})$ 接近 0 的程序来监测收敛情况是诱人的. 然而, 甚至当 $g'(x^{(t+1)})$ 非常小时, 也可能出现从 $x^{(t)}$ 到 $x^{(t+1)}$ 的改变非常大的情况, 于是, 仅依赖于 $g'(x^{(t+1)})$ 大小的停止准则不十分可靠. 另外, 从 $x^{(t)}$ 到 $x^{(t+1)}$ 的一个很小的改变最有可能与 $g'(x^{(t+1)})$ 在 0 附件有关. 因此, 我们经常通过监测 $|x^{(t+1)} - x^{(t)}|$ 及把 $g'(x^{(t+1)}$ 作为后备检验来评估算法的收敛性.

绝对收敛准则的停止准则为

$$\left|x^{(t+1)} - x^{(t)}\right| < \epsilon, \tag{2.5}$$

其中常数 ϵ 是选定的可容忍精度. 对于二分法, 容易验证

$$b_t - a_t = 2^{-t}(b_0 - a_0). \tag{2.6}$$

当 $2^{-(t+1)}(b_0 - a_0) < \delta$, 即 $t > \log_2\{(b_0 - a_0)/\delta\} - 1$ 时, 将达到真正的容忍误差 $|x^{(t)} - x^*| < \delta$. δ 减小 10 倍, t 将增大 $\log_2 10 \approx 3.3$. 于是, 若精度要增加 10 个百分点, 则需要将迭代步数增加 3 到 4 步.

相对收敛准则要求当

$$\frac{\left|x^{(t+1)} - x^{(t)}\right|}{\left|x^{(t)}\right|} < \epsilon \tag{2.7}$$

时停止迭代. 此准则可以在不必考虑 x 的单位的情况下达到指定的目标精度, 如 1%.

依实际问题选择应用绝对还是相对收敛准则. 如果 x 的刻度相对于 ϵ 很大 (或很小) 时, 绝对收敛准则有时将相当不情愿地停止迭代或迭代很快就停止了. 相对收敛准则对 x 的刻度做了校正, 但当 $x^{(t)}$ 的值 (或真值) 与 0 非常接近时, 它将变得不稳定, 此时, 我们可以通过当 $\frac{\left|x^{(t+1)} - x^{(t)}\right|}{\left|x^{(t)}\right| + \epsilon} < \epsilon$ 时停止迭代来修正相对收敛准则.

当 g' 连续时, 二分法有用. 在方程 (2.6) 两边取极限后有 $\lim_{t\to\infty} a_t = \lim_{t\to\infty} b_t$, 于是二分法收敛到某点 $x^{(\infty)}$. 由于此方法保证 $g'(a_t)g'(b_t) \leqslant 0$, 故连续性可保证 $g'(x^{(\infty)})^2 \leqslant 0$. 于是, $g'(x^{(\infty)})$ 必等于 0. 这就是说 $x^{(\infty)}$ 是 g 的一个根. 换句话说, 二分法能从理论上保证其收敛到 $[a_0, b_0]$ 内的一个根.

事实上, 计算机在数字上的不精确性可能影响算法的收敛性. 对于多数迭代近似方法, 一种安全做法就是每次均对前面近似结果做一小的修正, 而不是重新开始一个新的近似. 如果我们不用 $a_{t+1} = (a_t + b_t)/2$ 而用 $a_{t+1} = a_t + (b_t - a_t)/2$ 来计算区间中点, 则二分法的数字计算更稳定. 然而, 出于各种各样的原因, 一个精心编写的算法或比二分法更复杂的优化程序也可能失败. 另外, 值得注意的是, 有多种病态情形使得 MLE 不是得分方程的解或者 MLE 不是唯一的 (例如见 [109]).

对于这些非正常情形, 给出一个标记不收敛的停止准则是重要的. 此时一个简单的做法就是不论收敛与否, N 步迭代后停止运算. 而一个聪明做法是考虑一个或多个收敛度量, 比如 $\left|x^{(t+1)} - x^{(t)}\right|$ 或 $\left|x^{(t+1)} - x^{(t)}\right| / \left|x^{(t)}\right|$ 或 $\left|g'(x^{(t+1)})\right|$. 如果每一个都不单减或若干次迭代后出现了周期, 则迭代停止. 有时解本身也可能出现不令人满意的周期性. 此时, 如果算法得到的收敛点明显不如我们已经知道的另一个好, 则明智的做法是停止迭代. 这样将避免找到的结果是一个已经知道的假的峰值或局部最大值. 不管应用哪个停止准则, 收敛较差就意味着必须扔掉 $x^{(t+1)}$ 且在某种意义上必须重新开始以便更可能成功收敛.

开始如停止一样重要. 一般地, 一个差的初值可能导致算法发散、周期性、误入歧途的局部最大或最小以及其他问题. 这些结果均依赖于函数 g、初值和所用的

优化算法. 一般地, 只要 g 在包含 $x^{(0)}$ 和 x^* 的临域内不垂直于 x, 则选取初值接近整体最优值是有帮助的. 产生合理初值的方法有图示法、初估计 (如矩估计)、有根据的推测和反复试错法等. 如果计算机运行速度限制你所能承担得起的迭代次数, 则聪明的做法是不要把所有的运算资源都用到此优化算法的长时间运行上. 应用多个初值进行运算是一个获得可信运行结果的有效方法且能避免得到局部最优和运算发散.

当一种方法由一组长度单减的且根在其中的相互嵌套的区间组成时, 就称其为**括入根法** (bracketing method), 二分法即属于这种方法. 二分法的收敛速度很慢, 即相对于后面讨论的其他方法而言, 为达到要求的精度, 它需要更多次的迭代. 其他的括入根法还有正割括入根法 (secant bracket, 见 [534])、Illinois 方法 (见 [305])、Ridder 方法 (见 [454]) 和一种速度很快的 Brent 方法 (见 [62]), 其中正割括入根法在运算初期很有效, 但随后速度将会很慢.

括入根法除了收敛速度相对慢些外, 它比本章后面介绍的其他方法具有明显的优势. 如果 g' 在区间 $[a_0, b_0]$ 上连续, 则不论 g'' 是否存在或是否容易导出, 其根都可以由括入根法找到. 因为它们不必考虑 g'', 故相对其他强烈依赖 g 的光滑性的方法, 括入根法有合理的一面.

2.1.1 Newton 法

Newton 法是一种快速求根的方法, 有时也称之为**Newton-Raphson 迭代**(特别是在单变量情形). 假设 g' 是连续可微的且 $g''(x^*) \neq 0$. 在第 t 次迭代, 此方法通过线性 Taylor 级数展开

$$0 = g'(x^*) \approx g'(x^{(t)}) + (x^* - x^{(t)})g''(x^{(t)}) \tag{2.8}$$

来近似 $g'(x^*)$.

因为 g' 可由在点 $x^{(t)}$ 的切线值近似, 故用此切线的根来近似 g' 的根看来是合理的. 于是, 解上述关于 x^* 的方程, 我们有

$$x^* = x^{(t)} - \frac{g'(x^{(t)})}{g''(x^{(t)})} = x^{(t)} + h^{(t)}. \tag{2.9}$$

此方程告诉我们, 对 x^* 的近似依赖于当前的估计值 $x^{(t)}$ 和一个修正 $h^{(t)}$. 重复此过程, 则 Newton 法的更新方程为

$$x^{(t+1)} = x^{(t)} + h^{(t)}, \tag{2.10}$$

其中 $h^{(t)} = -g'(x^{(t)})/g''(x^{(t)})$. 如用二次 Taylor 级数 $g(x^{(t)}) + (x^* - x^{(t)})g'(x^{(t)}) + (x^* - x^{(t)})^2 g''(x^{(t)})/2$ 来近似 $g(x^*)$, 则可得到类似的更新方程. 当关于 g 的优化对

应着 MLE 问题且 $\hat{\theta}$ 是 $l'(\theta)=0$ 的根时, Newton 法的更新方程为

$$\theta^{(t+1)}=\theta^{(t)}-\frac{l'(\theta^{(t)})}{l''(\theta^{(t)})}. \tag{2.11}$$

例 2.2 (一个简单的单变量优化, 续) 图 2.3 给出了利用 Newton 法求简单函数 (2.2) 最值的前几次迭代.

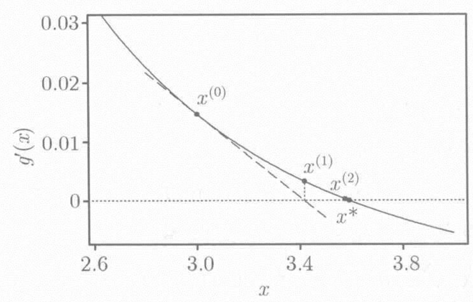


图 2.3 例 2.2 中 Newton 法的图示. 第一步, Newton 法用在 $x^{(0)}$ 点的切线值近似 g', 并用其切线的根 $x^{(1)}$ 近似真实的根 x^*. 第二步类似地得到 $x^{(2)}$, 它已经很接近 x^* 了

此问题的 Newton 增量为

$$h^{(t)}=\frac{(x^{(t)}+1)(1+1/x^{(t)}-\log x^{(t)})}{3+4/x^{(t)}+1/(x^{(t)})^2-2\log x^{(t)}}. \tag{2.12}$$

当初值为 $x^{(0)}=3.0$ 时, Newton 法很快求得 $x^{(4)}\approx 3.591\,12$. 作为比较, 在例 2.1 中的二分法直到第 19 步迭代其近似值的前五位数字仍未正确确定. □

Newton 法的收敛性依赖于 g 的形状和初值. 图 2.4 给出了一个从初值就发散的例子. 为了更好地理解什么有益于收敛, 我们必须仔细地分析每相邻两步间的误差.

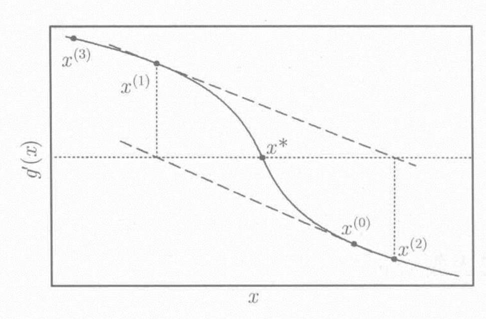


图 2.4 由于每一步与真值 x^* 的距离都在增加, 故 Newton 法从初值 $x^{(0)}$ 开始就发散

假设 g' 具有二阶连续导数且 $g''(x^*)\neq 0$. 因为 $g''(x^*)\neq 0$ 且 g'' 在 x^* 处连续, 则必存在 x^* 的一个邻域, 使得在此邻域内 $g''(x)\neq 0$. 我们仅在此邻域内考虑, 且

定义 $\epsilon^{(t)} = x^{(t)} - x^*$.

由 Taylor 展开有

$$0 = g'(x^*) = g'(x^{(t)}) + (x^* - x^{(t)})g''(x^{(t)}) + (x^* - x^{(t)})^2 g'''(q)/2, \tag{2.13}$$

其中 q 介于 $x^{(t)}$ 与 x^* 之间. 移项后, 我们有

$$x^{(t)} + h^{(t)} - x^* = (x^* - x^{(t)})^2 \frac{g'''(q)}{2g''(x^{(t)})}, \tag{2.14}$$

其中 $h^{(t)}$ 是 Newton 更新增量. 由于上式左边等于 $x^{(t+1)} - x^*$, 故我们有

$$\epsilon^{(t+1)} = (\epsilon^{(t)})^2 \frac{g'''(q)}{2g''(x^{(t)})}. \tag{2.15}$$

现对某个 $\delta > 0$, 考虑 x^* 的邻域 $\mathcal{N}_\delta(x^*) = [x^* - \delta, x^* + \delta]$. 记

$$c(\delta) = \max_{x_1, x_2 \in \mathcal{N}_\delta(x^*)} \left| \frac{g'''(x_1)}{2g''(x_2)} \right|. \tag{2.16}$$

因为当 $\delta \to 0$ 时, $c(\delta) \to \left| \frac{g'''(x^*)}{2g''(x^*)} \right|$, 所以 $\delta \to 0$ 时, $\delta c(\delta) \to 0$. 我们取满足 $\delta c(\delta) < 1$ 的 δ, 则由 (2.15) 式得

$$\left| c(\delta)\epsilon^{(t+1)} \right| \leqslant \left(c(\delta)\epsilon^{(t)} \right)^2. \tag{2.17}$$

假设一个初值满足 $\left|\epsilon^{(0)}\right| = \left|x^{(0)} - x^*\right| \leqslant \delta$, 则由 (2.17) 式得

$$\left| \epsilon^{(t)} \right| \leqslant \frac{(c(\delta)\delta)^{2^t}}{c(\delta)}. \tag{2.18}$$

当 $t \to \infty$ 时, 上式收敛到 0, 于是, $x^{(t)} \to x^*$.

刚才我们证明了如下定理: 如果 g''' 连续且 x^* 为 g' 的一个单根, 则存在 x^* 的一个邻域, 当初值为此邻域内任一点时, Newton 法都收敛到 x^*.

事实上, 当 g' 二阶连续可微、为凸函数且根存在时, 则无论初值如何取, Newton 法都收敛到此根. 如果初值位于一个区间 $[a, b]$, 则需要验证下列一些条件. 如果

(1) 在区间 $[a, b]$ 上, $g''(x) \neq 0$;

(2) 在区间 $[a, b]$ 上, $g'''(x)$ 不变号;

(3) $g'(a)g'(b) < 0$;

(4) $|g'(a)/g''(a)| < b - a$ 且 $|g'(b)/g''(b)| < b - a$,

则对于此区间内的任一个初值 $x^{(0)}$, Newton 法都将收敛. 上述结果可以在许多初等数值分析书上找到, 如 [112,173,217,328]. 在不太严格条件下的收敛定理可见 [423].

收敛阶数

收敛阶数是用来度量如 Newton 法等求根方法的收敛速度的一个量. 称某方法的收敛阶数为 β, 如果 $\lim_{t\to\infty} \epsilon^{(t)} = 0$ 且

$$\lim_{t\to\infty} \frac{\left|\epsilon^{(t+1)}\right|}{\left|\epsilon^{(t)}\right|^{\beta}} = c, \tag{2.19}$$

其中常数 $c \neq 0$ 且 $\beta > 0$. 在精确近似真值可以达到的情况下, 高阶收敛为优. 然而, 某些高阶收敛方法是以付出稳键的代价而实现的, 某些速度较慢的方法会比其对应的快速算法更安全.

对于 Newton 法, (2.15) 式指出

$$\frac{\epsilon^{(t+1)}}{(\epsilon^{(t)})^2} = \frac{g'''(q)}{2g''(x^{(t)})}. \tag{2.20}$$

如果 Newton 法收敛, 则其连续性告诉我们, 此方程的右端收敛到 $\frac{g'''(x^*)}{2g''(x^*)}$. 于是, Newton 法二次收敛, 即 $\beta = 2$ 且 $c = \left|\frac{g'''(x^*)}{2g''(x^*)}\right|$. 二次收敛速度很快: 一般地, 解的精度是每次迭代的两倍.

对于二分法, 如果在其初始区间有解的话, 由于其每次迭代区间的长度均减半且 $\lim_{t\to\infty} |\epsilon^{(t)}| = 0$, 故它显示出具有类似线性收敛 ($\beta = 1$) 的特点. 然而, 不必要求距离 $x^{(t)} - x^*$ 每次迭代都缩小, 且它们的比值可能是无界的, 于是, 对于任何 $\beta > 0$, $\lim_{t\to\infty} \frac{|\epsilon^{(t+1)}|}{|\epsilon^{(t)}|^{\beta}}$ 可能不存在. 这样, 二分法从形式上就不满足收敛阶数的定义.

我们可能会用一个如二分法一样安全的括入根法, 以保护快速收敛, 而少用如 Newton 法这样缺少求根可靠性的方法. 我们不把括入根法看成是产生下一步估计值的方法, 而可以把它仅看成是能提供根所在区间的一种方法. 如果 Newton 法某步迭代结果不在当前区间之间, 则此步将被替换或削除, 如在多元情形, 将变更此步的方向. 2.2 节和 [217] 给出了某些策略. 保护性措施可能会降低一个方法的收敛阶数.

2.1.2 Fisher 得分法

回顾 1.4 节, $I(\theta)$ 可用 $-l''(\theta)$ 来近似. 于是, 当 g 对应着 MLE 的优化问题时, 在 Newton 更新方程中, 用 $I(\theta)$ 来替换 $-l''(\theta)$ 是合理的, 此时其更新增量为 $h^{(t)} = l'(\theta^{(t)})/I(\theta^{(t)})$, 其中 $I(\theta^{(t)})$ 为在 $\theta^{(t)}$ 点的期望 Fisher 信息量. 这样, 此更新方程为

$$\theta^{(t+1)} = \theta^{(t)} + l'(\theta^{(t)})I(\theta^{(t)})^{-1}. \tag{2.21}$$

称此方法为Fisher 得分法.

Fisher 得分法与 Newton 法具有相同的渐近性质, 但对于个别问题, 一个可能比另一个易于计算或分析. 一般来讲, Fisher 得分法在迭代之初效果明显, 而 Newton 法则在迭代结束前效果明显.

2.1.3 正割法

在 Newton 法中, 其更新增量 (2.10) 依赖其二阶导数 $g''(x^{(t)})$. 如果计算此导数比较困难, 则可以用离散差分 $\frac{g'(x^{(t)})-g'(x^{(t-1)})}{x^{(t)}-x^{(t-1)}}$ 来近似之. 称此方法为**正割法** (secant method), 其更新方程为

$$x^{(t+1)} = x^{(t)} - g'(x^{(t)})\frac{x^{(t)} - x^{(t-1)}}{g'(x^{(t)}) - g'(x^{(t-1)})}, \ \forall\, t \geqslant 1. \tag{2.22}$$

此方法需要两个初值 $x^{(0)}, x^{(1)}$. 图 2.5 给出了用此方法求取例 2.1 中简单函数最值的前几步.

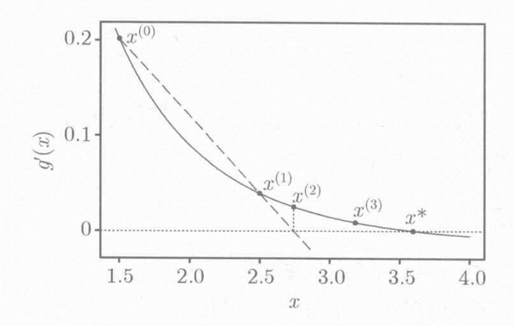


图 2.5 用介于 $x^{(0)}$ 和 $x^{(1)}$ 间的正割线段来局部近似 g'. 用得到的估计值 $x^{(2)}$ 与 $x^{(1)}$ 一起来生成下一个近似值

在类似于 Newton 法的条件下, 正割法也将收敛到根 x^*. 为求得其收敛阶数, 我们仅在某个合适的小区间 $[a, b]$ 内考虑, 假设此区间包含 $x^{(0)}, x^{(1)}$ 和 x^*, 且在此区间内 $g''(x) \neq 0, g'''(x) \neq 0$. 记 $\epsilon^{(t+1)} = x^{(t+1)} - x^*$, 则可直接证得

$$\begin{aligned}\epsilon^{(t+1)} &= \left[\frac{x^{(t)} - x^{(t-1)}}{g'(x^{(t)}) - g'(x^{(t-1)})}\right]\left[\frac{g'(x^{(t)})/\epsilon^{(t)} - g'(x^{(t-1)})/\epsilon^{(t-1)}}{x^{(t)} - x^{(t-1)}}\right]\left[\epsilon^{(t)}\epsilon^{(t-1)}\right] \\ &= A^{(t)}B^{(t)}\epsilon^{(t)}\epsilon^{(t-1)},\end{aligned} \tag{2.23}$$

其中当 $x^{(t)} \to x^*$ 且 g'' 连续时, $A^{(t)} \to 1/g''(x^*)$.

为得到 $B^{(t)}$ 的极限, 对 g' 在 x^* 处进行 Taylor 展开:

$$g'(x^{(t)}) \approx g'(x^*) + (x^{(t)} - x^*)g''(x^*) + (x^{(t)} - x^*)^2 g'''(x^*)/2, \tag{2.24}$$

于是,

$$g'(x^{(t)})/\epsilon^{(t)} \approx g''(x^*) + \epsilon^{(t)} g'''(x^*)/2. \tag{2.25}$$

类似地, $g'(x^{(t-1)})/\epsilon^{(t-1)} \approx g''(x^*) + \epsilon^{(t-1)} g'''(x^*)/2$. 这样,

$$B^{(t)} \approx g'''(x^*) \frac{\epsilon^{(t)} - \epsilon^{(t-1)}}{2(x^{(t)} - x^{(t-1)})} = g'''(x^*)/2, \tag{2.26}$$

经仔细验证, 可证当 $x^{(t)} \to x^*$ 时, 上述近似是严格的. 于是,

$$\epsilon^{(t+1)} \approx d^{(t)} \epsilon^{(t)} \epsilon^{(t-1)}, \tag{2.27}$$

其中当 $t \to \infty$ 时, $d^{(t)} \to \frac{g'''(x^*)}{2g''(x^*)} = d$.

为求得正割法的收敛阶数, 我们必须找到 β 满足: $\lim\limits_{t\to\infty} \frac{|\epsilon^{(t+1)}|}{|\epsilon^{(t)}|^\beta} = c$, 其中 c 为常数. 为此, 先假设上式成立, 并用此比例性质代替 (2.27) 式中的 $\epsilon^{(t-1)}$ 与 $\epsilon^{(t+1)}$, 只剩下了 $\epsilon^{(t)}$, 经整理后, 有

$$\lim_{t\to\infty} |\epsilon^{(t)}|^{1-\beta+1/\beta} = \frac{c^{1+1/\beta}}{d}. \tag{2.28}$$

因 (2.28) 式右端为正常数, 故 $1 - \beta + 1/\beta = 0$, 其解为 $\beta = (1+\sqrt{5})/2 \approx 1.62$. 于是, 正割法的收敛阶数低于 Newton 法.

2.1.4 不动点迭代法

一个函数的不动点就是指此点的函数值等于其自身的点. 用不动点方法求根就是要确定一个函数 G 使得 $g'(x) = 0$ 当且仅当 $G(x) = x$. 这样就把求 g' 的根的问题变换成求 G 的不动点问题, 而利用更新方程 $x^{(t+1)} = G(x^{(t)})$ 就是寻找不动点的最简单方法.

任何合适的 G 都可以拿来尝试, 但选取 $G(x) = g'(x) + x$ 是显然的. 此时, 其更新方程为

$$x^{(t+1)} = x^{(t)} + g'(x^{(t)}). \tag{2.29}$$

此算法的收敛依赖于 G 是否是**收缩的** (contractive). 要使 G 在区间 $[a, b]$ 上是收缩的, 则它必须满足:

(1) 只要 $x \in [a, b]$, 则 $G(x) \in [a, b]$;

(2) 对某个 $\lambda \in [0, 1)$, $|G(x_1) - G(x_2)| \leqslant \lambda |x_1 - x_2|$, $\forall\, x_1, x_2 \in [a, b]$.

注意到上述区间 $[a, b]$ 可以是无界的, 第二个条件就是Lipschitz条件, 称 λ 为Lipschitz**常数**. 如果 G 在区间 $[a, b]$ 上是收缩的, 则在此区间内存在唯一的不动点 x^*, 且对于此区间内的任一初值, 此算法都将收敛到此不动点. 此外, 在上述条件下, 我们有

$$|x^{(t)} - x^*| \leqslant \frac{\lambda^t}{1-\lambda} |x^{(1)} - x^{(0)}|. \tag{2.30}$$

类似此结论的收缩映射定理的证明可参见 [6, 439].

有时也称不动点迭代法为泛函迭代. 注意, Newton 法和正割法都是不动点迭代的特殊情况.

刻度调整

不动点迭代如收敛, 则其收敛阶数依赖于 λ. 然而, 我们并不能确保其收敛. 特别地, 如对所有的 $x \in [a,b]$, $|G'(x)| \leqslant \lambda < 1$, 则 Lipschitz 条件成立. 如果 $G(x) = g'(x) + x$, 则上一条件相当于要求在区间 $[a,b]$ 上 $|g''(x)+1| < 1$. 当 g'' 在 $[a,b]$ 上有界且不变号时, 因为对某个 $\alpha \neq 0$, $\alpha g'(x) = 0$ 当且仅当 $g'(x) = 0$, 故我们可以通过选取 $G(x) = \alpha g'(x) + x$ 来重新调节不收敛问题. 为保证收敛, 所选取的 α 必须满足: 在包含初值的一个区间上, $|\alpha g''(x) + 1| < 1$. 尽管人们可以仔细地计算合适的 α, 但试几个值可能更容易. 如果对于选取的 α, 此算法快速收敛, 则此值就合适.

刻度调整仅是校准 G 的若干方法中的一种. 一般地, 不动点迭代的有效性强烈地依赖 G 的形状. 例如考虑求 $g'(x) = x + \log x$ 的根. 此时, 尽管 $G(x) = \mathrm{e}^{-x}$ 收敛很慢且 $G(x) = -\log x$ 一点也不收敛, 但 $G(x) = (x + \mathrm{e}^{-x})/2$ 收敛很快.

例 2.3 (一个简单的单变量优化, 续) 对于 (2.2) 式的函数 $g(x) = \frac{\log x}{1+x}$, 图 2.6 给出了用 $G(x) = g'(x) + 1$ 和 $\alpha = 4$ 的刻度调整的不动点迭代算法的前几步. 注意到, 用其根来确定下一步 $x^{(t)}$ 的直线是相互平行的, 且其斜率等于 $-1/\alpha$. 基于此, 有时也称此方法为平行弦法 (method of parallel chords). □

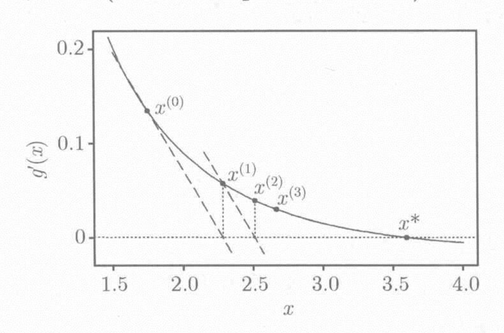


图 2.6 用 $G(x) = g'(x) + x$ 和 $\alpha = 4$ 求取例 2.3 中函数 $g(x) = \frac{\log x}{1+x}$ 最大值的刻度调整不动点迭代算法的前三步

假设对于对数似然 l 是二次的或在 $\hat{\theta}$ 附近是近似二次的情况, 我们想求其参数的 MLE. 此时, 得分函数局部线性, l'' 近似为一个常数, 记为 γ. 对于二次对数似然, Newton 法的更新方程为 $\theta^{(t+1)} = \theta^{(t)} - l'(\theta)/\gamma$. 如果应用 $\alpha = -1/\gamma$ 的刻度调整不动点迭代算法, 则其更新方程与此相同. 由于多数对数似然都是近似局部二次的, 所以刻度调整不动点迭代算法可能是非常有效的工具, 且此方法一般也非常稳

定并易于编程.

2.2　多元问题

在一个多元优化问题中，假设 g 是 p 维向量 $\boldsymbol{x}=(x_1,\cdots,x_p)^{\mathrm{T}}$ 的实值函数，我们要求其最值. 令 $\boldsymbol{x}^{(t)}=(x_1^{(t)},\cdots,x_p^{(t)})^{\mathrm{T}}$ 为第 t 步最优点的估计.

前面讨论的关于单变量优化问题的一般原则也适应于多元情形. 算法仍为迭代，且多数算法都利用基于 Taylor 级数或正割近似而得到的 g' 的局部线性来计算迭代结果. 尽管形式上有些小的改变，但收敛准则仍是类似的. 为构建收敛准则，令 $D(\boldsymbol{u},\boldsymbol{v})$ 为两个 p 维向量间的距离. 两个显然的选择为 $D(\boldsymbol{u},\boldsymbol{v})=\sum\limits_{i=1}^{p}|u_i-v_i|$ 和 $D(\boldsymbol{u},\boldsymbol{v})=\sqrt{\sum\limits_{i=1}^{p}(u_i-v_i)^2}$. 则绝对与相对收敛准则由如下不等式给出：

$$D(\boldsymbol{x}^{(t+1)},\boldsymbol{x}^{(t)})<\epsilon,\ \frac{D(\boldsymbol{x}^{(t+1)},\boldsymbol{x}^{(t)})}{D(\boldsymbol{x}^{(t)},\boldsymbol{0})}<\epsilon\text{ 或 }\frac{D(\boldsymbol{x}^{(t+1)},\boldsymbol{x}^{(t)})}{D(\boldsymbol{x}^{(t)},\boldsymbol{0})+\epsilon}<\epsilon.$$

2.2.1　Newton 法和 Fisher 得分法

为适用 Newton 法的更新方程，我们用二次 Taylor 级数展开近似 $g(\boldsymbol{x}^*)$ 如下

$$g(\boldsymbol{x}^*)=g(\boldsymbol{x}^{(t)})+(\boldsymbol{x}^*-\boldsymbol{x}^{(t)})^{\mathrm{T}}\boldsymbol{g}'(\boldsymbol{x}^{(t)})+(\boldsymbol{x}^*-\boldsymbol{x}^{(t)})^{\mathrm{T}}\boldsymbol{g}''(\boldsymbol{x}^{(t)})(\boldsymbol{x}^*-\boldsymbol{x}^{(t)})/2,\tag{2.31}$$

并且通过求取此二次函数关于 $\boldsymbol{x}^*$ 的最大值以进入下一步迭代. 令 (2.31) 式的右边的梯度等于 0，得到

$$\boldsymbol{g}'(\boldsymbol{x}^{(t)})+\boldsymbol{g}''(\boldsymbol{x}^{(t)})(\boldsymbol{x}^*-\boldsymbol{x}^{(t)})=\boldsymbol{0}.\tag{2.32}$$

由此得到更新方程

$$\boldsymbol{x}^{(t+1)}=\boldsymbol{x}^{(t)}-\boldsymbol{g}''(\boldsymbol{x}^{(t)})^{-1}\boldsymbol{g}'(\boldsymbol{x}^{(t)}).\tag{2.33}$$

另外，注意到 (2.32) 式左端实际上是 $\boldsymbol{g}'(\boldsymbol{x}^*)$ 的线性 Taylor 级数近似，且求解 (2.32) 就相当于求此线性方程的根. 无论从哪个角度看，多元 Newton 迭代的增量都为 $\boldsymbol{h}^{(t)}=-\boldsymbol{g}''(\boldsymbol{x}^{(t)})^{-1}\boldsymbol{g}'(\boldsymbol{x}^{(t)})$.

同单变量情形一样，在 MLE 问题中，我们可以用在 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 点的期望 Fisher 信息量 $\boldsymbol{I}(\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 替代在点 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 处的观测的信息量，则此时多元 Fisher 得分法的更新方程为

$$\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}=\boldsymbol{\theta}^{(t)}+\boldsymbol{I}(\boldsymbol{\theta}^{(t)})^{-1}\boldsymbol{l}'(\boldsymbol{\theta}^{(t)}),\tag{2.34}$$

此方法渐近等价于 Newton 法.

例 2.4 (一个二元优化)　图 2.7 给出了 Newton 法在一个复杂二元函数上的应用. 此函数曲面由阴影及等高线给出，其中越淡的部分函数值越大. 此算法始于

两个不同的初值, $\boldsymbol{x}_a^{(0)}, \boldsymbol{x}_b^{(0)}$. 从 $\boldsymbol{x}_a^{(0)}$ 出发, 此算法很快收敛到真正的最大值, 且注意到尽管其每步都是沿着上坡方向行进的, 但某些步长并不理想. 虽然 $\boldsymbol{x}_b^{(0)}$ 很接近 $\boldsymbol{x}_a^{(0)}$, 但从它出发, 此算法无法算得函数的最大值, 而仅收敛到一个局部最小值. 其原因为: 其某步步长太大以致于完全越过了上山的山脊部分, 从而导致它向下坡方向行进. 在最后几步, 算法走下坡的原因为: 它已经把 g' 的一个错根磨平了. 我们将在 2.2.2 节讨论预防出现这种问题的方法. □

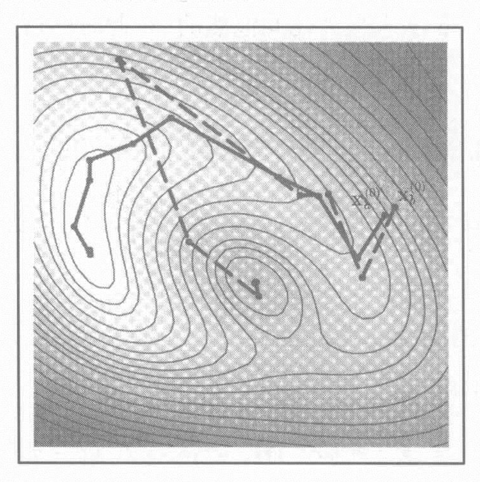


图 2.7 应用 Newton 法求取例 2.4 讨论的复杂二元函数的最大值. 此函数曲面由阴影及等高线给出, 其中越淡的部分函数值越大. 此算法采用两个初值, $\boldsymbol{x}_a^{(0)}, \boldsymbol{x}_b^{(0)}$, 且其分别收敛到真正的最大值和局部最小值

迭代再加权最小二乘

逻辑斯蒂回归模型是一著名的广义线性模型 ([379]), 现考虑其参数的 MLE. 在广义线性模型中, 响应变量 Y_i 独立地来自某参数为 θ_i 的分布 $(i=1,2,\cdots,n)$. 虽然不同类型的响应用不同的分布来拟合, 但其分布均属于某指数分布族. 此分布族的形式为 $f(y|\theta)=\exp\{[y\theta-b(\theta)]/a(\phi)+c(y,\phi)\}$, 其中 θ 为自然或典则参数, 且 ϕ 为散度参数. 此分布族的两个最有用的性质为: $\mathrm{E}\{Y\}=b'(\theta)$ 和 $\mathrm{var}\{Y\}=b''(\theta)a(\phi)$ (见 1.3 节).

用来模拟 Y_i 的分布依赖于一组对应的观测协变量 $\boldsymbol{z}_i$. 特别地, 我们假设 $\mathrm{E}\{Y_i|\boldsymbol{z}_i\}$ 由方程 $g(\mathrm{E}\{Y_i|\boldsymbol{z}_i\})=\boldsymbol{z}_i\boldsymbol{\beta}$ 与 $\boldsymbol{z}_i$ 相关联, 其中 $\boldsymbol{\beta}$ 为参数向量, 且称 g 为连接函数.

用于逻辑斯蒂回归的广义线性模型, 是由属于指数分布族的 Bernoulli 分布而得到的. 此时响应的分布为 $Y_i|\boldsymbol{z}_i \sim \mathrm{B}(\pi_i)$, $i=1,2,\cdots,n$, 且相互独立. 假设观测数据包括一个协变量值 z_i 和一个响应值 $y_i, i=1,2,\cdots,n$, 令列向量 $\boldsymbol{z}_i=(1,z_i)^{\mathrm{T}}$,

$\boldsymbol{\beta} = (\beta_0, \beta_1)^{\mathrm{T}}$, 则对于第 i 个观测, 自然参数为 $\theta_i = \log\{\pi_i/(1-\pi_i)\}, a(\phi) = 1, b(\theta_i) = \log\{1 + \exp\{\theta_i\}\} = \log\{1 + \exp\{\boldsymbol{z}_i^{\mathrm{T}}\boldsymbol{\beta}\}\} = -\log\{1 - \pi_i\}$, 其对数似然为

$$l(\boldsymbol{\beta}) = \boldsymbol{y}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{Z}\boldsymbol{\beta} - \boldsymbol{b}^{\mathrm{T}}\mathbf{1}, \tag{2.35}$$

其中 $\mathbf{1}$ 是分量均为 1 的列向量, $\boldsymbol{y} = (y_1, \cdots, y_n)^{\mathrm{T}}, \boldsymbol{b} = (b(\theta_1), \cdots, b(\theta_n))^{\mathrm{T}}, \boldsymbol{Z}$ 是 $n \times 2$ 矩阵, 其第 i 行为 $\boldsymbol{z}_i^{\mathrm{T}}$.

现考虑利用 Newton 法求最大化此似然的 $\boldsymbol{\beta}$, 此时的得分函数为

$$\boldsymbol{l}'(\boldsymbol{\beta}) = \boldsymbol{Z}^{\mathrm{T}}(\boldsymbol{y} - \boldsymbol{\pi}), \tag{2.36}$$

其中 $\boldsymbol{\pi}$ 为由 Bernoulli 概率$\pi_1, \cdots, \pi_n$ 构成的列向量. 其 Hessian 矩阵为

$$\boldsymbol{l}''(\boldsymbol{\beta}) = \frac{\mathrm{d}}{\mathrm{d}\boldsymbol{\beta}}(\boldsymbol{Z}^{\mathrm{T}}(\boldsymbol{y} - \boldsymbol{\pi})) = -\left(\frac{\mathrm{d}\boldsymbol{\pi}}{\mathrm{d}\boldsymbol{\beta}}\right)^{\mathrm{T}}\boldsymbol{Z} = -\boldsymbol{Z}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{W}\boldsymbol{Z}, \tag{2.37}$$

其中 $\boldsymbol{W}$ 为第 i 个对角元等于 $\pi_i(1 - \pi_i)$ 的对角阵.

于是, Newton 法的更新方程为

$$\begin{aligned}\boldsymbol{\beta}^{(t+1)} &= \boldsymbol{\beta}^{(t)} - \boldsymbol{l}''(\boldsymbol{\beta}^{(t)})^{-1}\boldsymbol{l}'(\boldsymbol{\beta}^{(t)}) &(2.38)\\ &= \boldsymbol{\beta}^{(t)} + \left(\boldsymbol{Z}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{W}^{(t)}\boldsymbol{Z}\right)^{-1}\left(\boldsymbol{Z}^{\mathrm{T}}(\boldsymbol{y} - \boldsymbol{\pi}^{(t)})\right), &(2.39)\end{aligned}$$

其中 $\boldsymbol{\pi}^{(t)}$ 为对应于 $\boldsymbol{\beta}^{(t)}$ 的 $\boldsymbol{\pi}$ 的值, $\boldsymbol{W}^{(t)}$ 为在 $\boldsymbol{\pi}^{(t)}$ 处取值的对角权重阵.

注意到 Hessian 阵不依赖于 $\boldsymbol{y}$. 于是, Fisher 信息阵等于观测的信息量, 即 $\boldsymbol{I}(\boldsymbol{\beta}) = \mathrm{E}\{-\boldsymbol{l}''(\boldsymbol{\beta})\} = \mathrm{E}\{\boldsymbol{Z}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{W}\boldsymbol{Z}\} = -\boldsymbol{l}''(\boldsymbol{\beta})$. 因此, 对于本例, Fisher 得分法等同于 Newton 法. 对于广义线性模型, 当连接函数使得自然参数为协变量的线性函数时, 此结论始终正确.

例 2.5 (人类脸谱识别) 我们将用逻辑斯蒂模型来拟合一组数据, 而这些数据涉及到一个识别人类脸谱算法的检验. 现用 1 072 个人的一对脸部图像来训练和检验一个脸部自动识别算法 (见 [580]). 此试验利用识别软件对每一个人的第一个图像 (称为一个探针) 在剩余的 2 143 个图像中寻找匹配者. 理想的匹配结果就是找到同一个人的另一个图像 (称为目标). 以响应 $y_i = 1$ 表示匹配成功, 而响应 $y_i = 0$ 则表示与其他人匹配. 所用的预测变量为探针图像与其对应的目标图像在眼部标准区域的平均像素强度的绝对差. 此变量用来度量两个图像在眼部附近这一重要区域是否具有类似的特征. 若眼部像素强度有很大不同就意味着不匹配. 对于上述数据, 共有正确匹配 775 次, 297 次匹配错误. 在正确匹配中, 预测变量的中位数和 90% 分位数分别为 0.033 和 0.097, 而在错误匹配中, 分别是 0.060 和 0.161. 于是, 数据支持我们利用眼部像素强度来判别匹配与否的假设. 上述数据可在本书主页上找到. 所涉及到的数据分析见 [220, 221].

为量化上述变量间的关系, 我们将拟合一个逻辑斯蒂回归模型. 于是, 记 z_i 为一对图像眼部强度的绝对差, 且 y_i 表示第 i 个探针匹配是否成功 $(i=1,\cdots,1\,072)$. 似然函数如 (2.35) 式. 下面我们将利用 Newton 法.

我们取初值 $\boldsymbol{\beta}^{(0)}=(\beta_0^{(0)},\beta_1^{(0)})^{\mathrm{T}}=(0.959\,13,0)^{\mathrm{T}}$, 这意味着在 0 步迭代, 对于所有的 i, $\pi_i=775/1\,072$. 表 2.1 指出此算法很快收敛到 $\boldsymbol{\beta}^{(4)}=(1.738\,74,-13.588\,40)^{\mathrm{T}}$. 如采用对应于 $\pi_i=0.5, i=1,\cdots,1\,072$ 的初值 $\boldsymbol{\beta}^{(0)}=\mathbf{0}$, 则此算法仍很快收敛. 而当用 Bernoulli 数据拟合逻辑斯蒂回归时, 据经验, 多采用后一种初值 (见 [278]). 因为 $\hat{\beta}_1=-13.59$ 接近负 9 倍的边际标准差, 故数据强烈支持把眼部像素区别作为判断识别与否的假设. □

表 2.1 用逻辑斯蒂回归模型拟合例 2.5 中的脸部识别数据时, Newton 法每步迭代的参数估计和相应的方差 – 协方差阵估计

t 步迭代	$\boldsymbol{\beta}^{(t)}$	$-\boldsymbol{l}''(\boldsymbol{\beta}^{(t)})^{-1}$
0	$\begin{pmatrix}0.959\,13\\0.000\,00\end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix}0.010\,67 & -0.114\,12\\-0.114\,12 & 2.167\,01\end{pmatrix}$
1	$\begin{pmatrix}1.706\,94\\-14.200\,59\end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix}0.133\,12 & -0.140\,10\\-0.140\,10 & 2.363\,67\end{pmatrix}$
2	$\begin{pmatrix}1.737\,25\\-13.569\,88\end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix}0.013\,47 & -0.139\,41\\-0.139\,41 & 2.320\,90\end{pmatrix}$
3	$\begin{pmatrix}1.738\,74\\-13.588\,39\end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix}0.013\,49 & -0.139\,52\\-0.139\,52 & 2.322\,41\end{pmatrix}$
4	$\begin{pmatrix}1.738\,74\\-13.588\,40\end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix}0.013\,49 & -0.139\,52\\-0.139\,52 & 2.322\,41\end{pmatrix}$

出于多种原因考虑, 利用 Fisher 得分法来求广义线性模型的极大似然估计是非常重要的. 首先, 它是**迭代再加权最小二乘** (IRLS)方法的应用. 令

$$\boldsymbol{e}^{(t)}=\boldsymbol{y}-\boldsymbol{\pi}^{(t)}, \tag{2.40}$$

和

$$\boldsymbol{x}^{(t)}=\boldsymbol{Z}\boldsymbol{\beta}^{(t)}+(\boldsymbol{W}^{(t)})^{-1}\boldsymbol{e}^{(t)}. \tag{2.41}$$

则 Fisher 得分法的更新方程可以写成

$$\begin{aligned}\boldsymbol{\beta}^{(t+1)}&=\boldsymbol{\beta}^{(t)}+\left(\boldsymbol{Z}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{W}^{(t)}\boldsymbol{Z}\right)^{-1}\boldsymbol{Z}^{T}\boldsymbol{e}^{(t)}\\&=\left(\boldsymbol{Z}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{W}^{(t)}\boldsymbol{Z}\right)^{-1}\left[\boldsymbol{Z}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{W}^{(t)}\boldsymbol{Z}\boldsymbol{\beta}^{(t)}+\boldsymbol{Z}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{W}^{(t)}(\boldsymbol{W}^{(t)})^{-1}\boldsymbol{e}^{(t)}\right]\\&=\left(\boldsymbol{Z}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{W}^{(t)}\boldsymbol{Z}\right)^{-1}\boldsymbol{Z}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{W}^{(t)}\boldsymbol{x}^{(t)}.\end{aligned} \tag{2.42}$$

从 (2.42) 可以看出, 由于 $\boldsymbol{\beta}^{(t+1)}$ 是 $\boldsymbol{x}^{(t)}$ 关于 $\boldsymbol{Z}$ 的加权最小二乘的回归系数, 且其

权重为 $\boldsymbol{W}^{(t)}$ 的对角元, 故我们称 $\boldsymbol{x}^{(t)}$ 为工作响应. 在每一步迭代, 都要重新计算一个新的工作响应和权向量, 且更新方程可由一个加权最小二乘拟合得到.

其次, 对于广义线性模型, IRLS 是下面讨论的处理非线性最小二乘问题的 Gauss-Newton 法的一种特殊情况, 因此, IRLS 具有与 Gauss-Newton 法一样的特征. 特别地, 除非此方法拟合得非常好, 则它可能是一种速度较慢且不可靠的用来拟合广义线性模型的方法 (见 [534]).

2.2.2 类 Newton 法

某些高效率的方法都依赖如下形式的更新方程

$$\boldsymbol{x}^{(t+1)} = \boldsymbol{x}^{(t)} - (\boldsymbol{M}^{(t)})^{-1}\boldsymbol{g}'(\boldsymbol{x}^{(t)}), \tag{2.43}$$

其中 $\boldsymbol{M}^{(t)}$ 是一个用来近似 Hessian 阵 $\boldsymbol{g}''(\boldsymbol{x}^{(t)})$ 的 $p \times p$ 矩阵. 在一般的优化问题中, 用某个简单近似替代 Hessian 阵有几方面的好处. 第一, 计算 Hessian 阵可能是非常昂贵的. 第二, Newton 法的每步迭代并不总需要上坡, 即在每一步迭代, 它并不保证 $g(\boldsymbol{x}^{(t+1)}) > g(\boldsymbol{x}^{(t)})$. 而适当选取 $\boldsymbol{M}^{(t)}$ 则可保证爬高. 我们已经知道 Hessian 阵的一个可能替代为 $\boldsymbol{M}^{(t)} = -\boldsymbol{I}(\boldsymbol{\theta}^{(t)})$, 这即是 Fisher 得分法. 选取某些其他的 $\boldsymbol{M}^{(t)}$ 可有好的表现, 也可限制其计算量.

1. 上升算法

为迫使每步均上坡, 人们可以利用*爬高算法*(将在第 3 章讨论其他类型的爬高算法). 本节通过用 $\boldsymbol{M}^{(t)} = -\boldsymbol{I}$ 替代 Hessian 阵来得到一种*最速上升法*, 其中 $\boldsymbol{I}$ 为单位阵. 因为 g 的梯度指出了 g 的曲面在点 $\boldsymbol{x}^{(t)}$ 处的最陡峭上坡方向, 故令 $\boldsymbol{x}^{(t+1)} = \boldsymbol{x}^{(t)} + \boldsymbol{g}'(\boldsymbol{x}^{(t)})$ 就意味着下一步将沿着最陡峭爬高方向行进. 如在后面所讨论的, 为了控制收敛性, 调整步长为 $\boldsymbol{x}^{(t+1)} = \boldsymbol{x}^{(t)} + \alpha^{(t)}\boldsymbol{g}'(\boldsymbol{x}^{(t)})$ 是有益的, 其中 $\alpha^{(t)} > 0$.

不同形式的 $\boldsymbol{M}^{(t)}$ 将产生增量为

$$\boldsymbol{h}^{(t)} = -\alpha^{(t)}\left[\boldsymbol{M}^{(t)}\right]^{-1}\boldsymbol{g}'(\boldsymbol{x}^{(t)}) \tag{2.44}$$

的多种上升算法. 对于固定的 $\boldsymbol{x}^{(t)}$ 和非负定的 $\boldsymbol{M}^{(t)}$, 注意到当 $\alpha^{(t)} \to 0$ 时, 我们有

$$\begin{aligned} g(\boldsymbol{x}^{(t+1)}) - g(\boldsymbol{x}^{(t)}) &= g(\boldsymbol{x}^{(t)} + \boldsymbol{h}^{(t)}) - g(\boldsymbol{x}^{(t)}) \\ &= -\alpha^{(t)}\boldsymbol{g}'(\boldsymbol{x}^{(t)})^{\mathrm{T}}(\boldsymbol{M}^{(t)})^{-1}\boldsymbol{g}'(\boldsymbol{x}^{(t)}) + o(\alpha^{(t)}), \end{aligned} \tag{2.45}$$

其中第二个等式来自 Taylor 展开 $g(\boldsymbol{x}^{(t)} + \boldsymbol{h}^{(t)}) = g(\boldsymbol{x}^{(t)}) + \boldsymbol{g}'(\boldsymbol{x}^{(t)})^{\mathrm{T}}\boldsymbol{h}^{(t)} + o(\alpha^{(t)})$. 于是, 如果 $-\boldsymbol{M}^{(t)}$ 是正定的, 则当选取充分小的 $\alpha^{(t)}$ 时, 可以保证算法在上升, 这是因为当 $\alpha^{(t)} \to 0$ 时, $o(\alpha^{(t)})/\alpha^{(t)} \to 0$, 而由 (2.45) 式知 $g(\boldsymbol{x}^{(t+1)}) - g(\boldsymbol{x}^{(t)}) > 0$.

这样, 一个典型的上升算法将用一个正定阵 $-\boldsymbol{M}^{(t)}$ 来近似负的 Hessian 阵, 并包括一个**收缩或步长参数** $\alpha^{(t)} > 0$, 其中此参数将保证每步均上升. 例如, 如果取 $\alpha^{(t)} = 1$ 的运算结果显示走下坡路, 则可取一半的 $\alpha^{(t)}$. 称此方法为**倒向追踪法**. 如果此步仍然走下坡, 则再取一半的 $\alpha^{(t)}$ 直到某充分小的步长以保证上升. 对于 Fisher 得分法, 由于 $-\boldsymbol{M}^{(t)} = \boldsymbol{I}(\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 是半正定的, 则倒向 Fisher 得分法将避免走下坡路.

例 2.6 (一个二元优化, 续) 图 2.8 给出了利用最速上升法求取例 2.4 中讨论过的二元函数最大值的图例, 其初值为 $x^{(0)}$ 且每步均取 $\alpha^{(t)} = 1/4$. 图中实线表示此最速上升算法的路线. 尽管成功求得最大值, 但其速度并不快且效率不高. 图中虚线表示 2.2.2 节第 3 部分所讨论的另一种方法. □

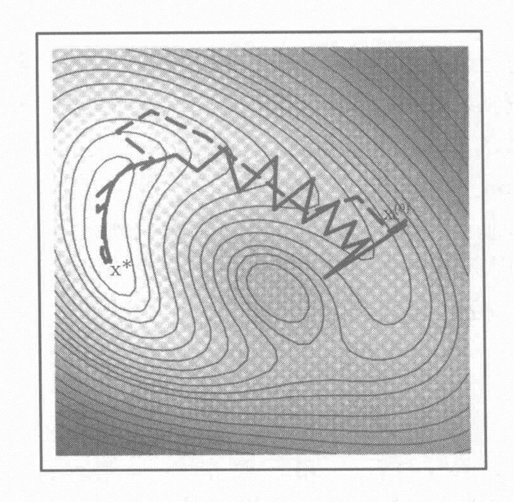


图 2.8 应用两种方法求某复杂二元函数的最大值. 此函数曲面由阴影及等高线给出, 其中越淡的部分函数值越大. 两种算法均采用初值 $\boldsymbol{x}^{(0)}$ 求其真正的最大值 $\boldsymbol{x}^{*}$. 实线对应着例 2.6 讨论的最速上升法, 虚线对应着 BFGS 更新的拟 Newton 法 (见例 2.7). 两种算法均为倒向追踪, 且其最初几步的 $\alpha^{(t)}$ 分别为 0.25 和 0.05

步长取半法仅是倒向追踪法中的一种. 在所有方法中, 称那些依赖于在选定方向上寻找有利步长的方法为**线搜索法**. 然而, 甚至当 g 有上界和唯一的最大值时, 用一个正定阵替换负的 Hessian 阵的倒向追踪也不一定确保算法收敛. 要保证收敛就必须要求每步都上升 (即要求当 t 增加时, $g(\boldsymbol{x}^{(t)}) - g(\boldsymbol{x}^{(t-1)})$ 的减小不要太快) 且每步的方向都不要接近垂直于梯度 (即避免来自于 g 的同一水平等高线). 如 Goldstein-Armijo 和 Wolfe-Powell 条件就满足上述要求, 且这些条件能保证上升算法的收敛性 ([13, 239, 435, 570]).

当前进方向并不是上坡时, 如大家都知道的修正的 Newton 法等方法将充分

改变前进方向以致找到上坡方向 ([217]). Cholesky 分解法也是一种很有效的方法 ([216]), 实际上, 当负 Hessian 阵非正定时, 此方法用 $-\tilde{\boldsymbol{g}}''(\boldsymbol{x}^{(t)}) = -\boldsymbol{g}''(\boldsymbol{x}^{(t)}) + \boldsymbol{E}$ 来替换它, 其中 $\boldsymbol{E}$ 为对角元非负的对角阵. 通过适当选取 $\boldsymbol{E}$ 而不必偏离原方向 $-g''(x^{(t)})$ 以保证 $-\tilde{\boldsymbol{g}}''(\boldsymbol{x}^{(t)})$ 为正定的, 从而得到上坡的合适方向.

2. 离散 Newton 法和不动点法

为避免计算 Hessian 阵, 人们可能转而应用类似于正割法的*离散 Newton 法*或仅依赖于初始近似的*多元不动点法*.

多元不动点法在迭代过程中都应用 $\boldsymbol{g}''$ 的初始近似. 如果此近似是一个常数矩阵, 即对于所有的 t, $\boldsymbol{M}^{(t)} = \boldsymbol{M}$, 则其更新方程为

$$\boldsymbol{x}^{(t+1)} = \boldsymbol{x}^{(t)} - \boldsymbol{M}^{-1}\boldsymbol{g}'(\boldsymbol{x}^{(t)}), \tag{2.46}$$

而 $\boldsymbol{g}''(\boldsymbol{x}^{(0)})$ 是 $\boldsymbol{M}$ 的一个合理选择. 注意到, 如果 $\boldsymbol{M}$ 是对角阵, 则此方法就相当于对 $\boldsymbol{g}$ 的每个分量分别应用单变量刻度调整的不动点算法. 当求取类似于对数似然这样的局部二次函数的最大值时, 不动点迭代和 Newton 法间的关系请见 2.1.4 节.

多元离散 Newton 法用一个有限差分商的矩阵 $\boldsymbol{M}^{(t)}$ 近似 $\boldsymbol{g}''(\boldsymbol{x}^{(t)})$. 令 $\boldsymbol{g}'(\boldsymbol{x})$ 的第 i 个元素为 $g_i'(\boldsymbol{x}) = \mathrm{d}g(\boldsymbol{x})/\mathrm{d}x_i$, 以 $\boldsymbol{e}_j$ 记第 j 个分量为 1 而其他分量均为 0 的 p 维向量. 在所有的用离散差分近似 Hessian 阵的第 (i,j) 元素的方法中, 一个最直接的方法可能是: 令 $\boldsymbol{M}^{(t)}$ 的第 (i,j) 元等于

$$\boldsymbol{M}_{ij}^{(t)} = \frac{g_i'(\boldsymbol{x}^{(t)} + h_{ij}^{(t)}\boldsymbol{e}_j) - g_i'(\boldsymbol{x}^{(t)})}{h_{ij}^{(t)}}, \tag{2.47}$$

其中 $h_{ij}^{(t)}$ 为常数. 对于所有的 (i,j) 和 t, 取 $h_{ij}^{(t)} = h$ 最容易, 但其收敛阶数 $\beta = 1$. 另外, 如果我们对于所有的 i, 取 $h_{ij}^{(t)} = x_j^{(t)} - x_j^{(t-1)}$, 则得到的收敛阶数类似于单变量的正割法, 其中 $x_j^{(t)}$ 为 $\boldsymbol{x}^{(t)}$ 的第 j 个分量. 在用 (2.43) 式给出的更新方程时, 我们可以利用 $\boldsymbol{M}^{(t)}$ 和它的转置阵的平均以保证其对称性.

3. 拟 Newton 法

从计算上来看, 用 $\boldsymbol{M}^{(t)}$ 近似 Hessian 阵的离散 Newton 法在计算上比较麻烦, 这是因为在每一步, 更新 $\boldsymbol{M}^{(t)}$ 的每个元素都要计算一个新的离散差分. 基于最近一步的方向, 我们可以设计一种更有效的方法. 当 $\boldsymbol{x}^{(t)}$ 被 $\boldsymbol{x}^{(t+1)} = \boldsymbol{x}^{(t)} + \boldsymbol{h}^{(t)}$ 更新时, 我们就有机会去认识 $\boldsymbol{g}'$ 在 $\boldsymbol{x}^{(t)}$ 附近沿 $\boldsymbol{h}^{(t)}$ 方向上的曲率, 于是, 基于这些信息就可以更有效地更新 $\boldsymbol{M}^{(t)}$.

为此, 我们必须放弃在离散 Newton 法中应用的用离散差分逐个近似 $\boldsymbol{g}''$ 每个分量的方法. 然而, 也可能保留某一类型的基于差分的正割条件. 特别地, 如果

$$\boldsymbol{g}'(\boldsymbol{x}^{(t+1)}) - \boldsymbol{g}'(\boldsymbol{x}^{(t)}) = \boldsymbol{M}^{(t+1)}(\boldsymbol{x}^{(t+1)} - \boldsymbol{x}^{(t)}), \tag{2.48}$$

则 $\boldsymbol{M}^{(t)}$ 满足正割条件. 由此条件可以看出, 我们需要一种计算量不大且满足 (2.48) 式的由 $\boldsymbol{M}^{(t)}$ 生成 $\boldsymbol{M}^{(t+1)}$ 的方法, 它将保证我们得到更多的关于 $\boldsymbol{g}'$ 在最近一步方向上曲率的信息. 由此即产生了*拟 Newton 法*, 有时也称其为*变尺度法*(variable metric)(见 [133, 217, 415]).

现存在唯一一种对称且秩为 1 的方法满足这些要求 ([115]). 记 $\boldsymbol{z}^{(t)} = \boldsymbol{x}^{(t+1)} - \boldsymbol{x}^{(t)}, \boldsymbol{y}^{(t)} = \mathbf{g}'(\boldsymbol{x}^{(t+1)}) - \boldsymbol{g}'(\boldsymbol{x}^{(t)})$, 则关于 $\boldsymbol{M}^{(t)}$ 的更新方程为

$$\boldsymbol{M}^{(t+1)} = \boldsymbol{M}^{(t)} + c^{(t)}\boldsymbol{v}^{(t)}\left(\boldsymbol{v}^{(t)}\right)^{\mathrm{T}}, \tag{2.49}$$

其中 $\boldsymbol{v}^{(t)} = \boldsymbol{y}^{(t)} - \boldsymbol{M}^{(t)}\boldsymbol{z}^{(t)}, c^{(t)} = \frac{1}{\left(\boldsymbol{v}^{(t)}\right)^{\mathrm{T}}\boldsymbol{z}^{(t)}}$.

监测 $\boldsymbol{M}^{(t)}$ 的更新方程的变化非常重要. 如果 $c^{(t)}$ 的分母为零或接近零, 则它很难可靠地计算. 此时我们在此步迭代中临时取 $\boldsymbol{M}^{(t+1)} = \boldsymbol{M}^{(t)}$. 我们也希望通过倒向追踪来保证其上升. 如果 $-\boldsymbol{M}^{(t)}$ 正定且 $c^{(t)} \leqslant 0$, 则 $-\boldsymbol{M}^{(t+1)}$ 也将正定. 如果确保正定性能从当前迭代传到下次迭代, 则我们用术语*遗传正定性*来表示这种渴望的情形. 如果 $c^{(t)} > 0$, 则可能需要通过缩短 $c^{(t)}$, 将其向 0 靠近直至正定条件满足. 于是, 针对此更新的正定就不是遗传正定. 监测技术、倒向追踪技术和方法的表现请参见 [327, 349].

现有多种对称的秩为 2 的用以更新 Hessian 阵近似的方法, 且它们仍满足正割条件. 秩为 2 的用以更新 Hessian 阵近似的 Broyden 族 ([71, 73]) 具有如下形式:

$$\begin{aligned}\boldsymbol{M}^{(t+1)} = \boldsymbol{M}^{(t)} &- \frac{\boldsymbol{M}^{(t)}\boldsymbol{z}^{(t)}\left(\boldsymbol{M}^{(t)}\boldsymbol{z}^{(t)}\right)^{\mathrm{T}}}{\left(\boldsymbol{z}^{(t)}\right)^{\mathrm{T}}\boldsymbol{M}^{(t)}\boldsymbol{z}^{(t)}} + \frac{\boldsymbol{y}^{(t)}\left(\boldsymbol{y}^{(t)}\right)^{\mathrm{T}}}{\left(\boldsymbol{z}^{(t)}\right)^{\mathrm{T}}\boldsymbol{y}^{(t)}} \\ &+\delta^{(t)}\left((\boldsymbol{z}^{(t)})^{\mathrm{T}}\boldsymbol{M}^{(t)}\boldsymbol{z}^{(t)}\right)\mathbf{d}^{(t)}\left(\mathbf{d}^{(t)}\right)^{\mathrm{T}},\end{aligned} \tag{2.50}$$

其中

$$\mathbf{d}^{(\mathbf{t})} = \frac{\boldsymbol{y}^{(\mathbf{t})}}{(\boldsymbol{z}^{(\mathbf{t})})^{\mathrm{T}}\boldsymbol{y}^{(\mathbf{t})}} - \frac{\boldsymbol{M}^{(\mathbf{t})}\boldsymbol{z}^{(\mathbf{t})}}{(\boldsymbol{z}^{(\mathbf{t})})^{\mathrm{T}}\boldsymbol{M}^{(\mathbf{t})}\boldsymbol{z}^{(\mathbf{t})}}.$$

当 $\delta^{(t)} = 0$ 时, 这就是此族中最有名的 BFGS 更新 ([72, 172, 238, 500]). 另一个取 $\delta^{(t)} = 1$ 的更新也得到了广泛的研究 ([115, 174]). 然而, 大量经验与理论研究表明, BFGS 更新一般优于后一个. 现已证明, (2.49) 式的秩为 1 的更新表现也不错, 且较 BFGS 具有一定的吸引力 ([102, 327]).

BFGS 更新 (实际上, Broyden 族中的每一个) 都能保证 $-\boldsymbol{M}^{(t)}$ 具有遗传正定性. 因此, 倒向追踪能保证步步上升. 然而, 注意到保证上升性并不等价于保证收敛. 一般地, 拟 Newton 法的收敛阶数比线性高, 但比二次低. 相对于 Newton 法而言, 其收敛阶数低于二次的原因是对 Hessian 阵的近似. 不过, 拟 Newton 法仍是快

速且有效的, 而且经常被用到多个流行的软件包中. 另外, 多个作者也提出 (2.49) 式的表现优于 BFGS([102, 349]).

例 2.7 (一个二元优化问题, 续) 图 2.8 给出了求在例 2.4 中引出的二元函数最大值的拟 Newton 法的应用, 其中更新分别为 BFGS 和倒向追踪, 初值为 $\boldsymbol{x}^{(0)}$ 且 $\alpha^{(t)}=0.05$. 虚线为本例中的迭代步骤, 其最优点 $\boldsymbol{x}^*$ 很快被找到, 而图中的实线为在 2.2.2 节第 1 部分讨论的最速上升法. 拟 Newton 法和最速上升法都仅要求一阶可导, 且二者均应用倒向追踪. 从本例可以看出, 拟 Newton 法所需的额外的计算量几乎总是超过其良好的收敛表现. □

关于如何提高拟 Newton 法的稳定性和表现已有多种研究方法. 这些改进方法的重要内容也许就在于计算 $\boldsymbol{M}^{(t)}$ 的更新. 尽管 (2.50) 式给出了相对直观的更新方程, 但它的直接应用在数值计算上的稳定性却不如别的, 另外, 它在 [215] 中所给出的关于更新 $\boldsymbol{M}^{(t)}$ 的 Cholesky 分解也是很好的.

拟 Newton 法的表现对初始矩阵 $\boldsymbol{M}^{(0)}$ 的选取非常敏感. 一个最容易的选择就是负的单位阵, 但当 $\boldsymbol{x}^{(t)}$ 各分量的尺度差异很大时, 这种选择经常不充分. 对于 MLE 问题, 如果期望的 Fisher 信息量可以计算, 则取 $\boldsymbol{M}^{(0)}=-\boldsymbol{I}(\boldsymbol{\theta}^{(0)})$ 是一个很好的选择. 在一般情况下, 对于拟 Newton 法, 重新调整 $\boldsymbol{x}$ 各元素的刻度使其具有可比性是非常重要的. 这种调整将改进其表现并有效预防其停止准则仅依赖于那些刻度大的变量. 通常, 在刻度调整不好的多数问题中, 人们可能会发现对于拟 Newton 算法的收敛点, 其中仅有部分分量 $x_i^{(t)}$ 与其相应的初值有别, 而其余分量均不变.

在 MLE 和统计推断中, 由于 Hessian 阵给出了标准误差和协方差的估计, 故它非常重要. 然而, 拟 Newton 法依赖于如下假设: 即使用一个很差的关于 Hessian 阵的近似, 求根问题仍可以有效地解决. 另外, 如果迭代在 t 步停止, 则最近的 Hessian 近似 $\boldsymbol{M}^{(t-1)}$ 已经作废且错误定位于 $\boldsymbol{\theta}^{(t-1)}$ 而不位于 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$. 出于上述原因, 上述近似可能相当差. 因此, 当迭代停止后, 计算一个更精确的近似是值得的. 其细节请参见 [133]. 另一种方法则依赖于中心差分近似, 其 (i,j) 元素为

$$\widehat{\boldsymbol{l}''(\boldsymbol{\theta}^{(t)})}=\frac{l_i'(\boldsymbol{\theta}^{(t)}+h_{ij}\boldsymbol{e}_j)-l_i'(\boldsymbol{\theta}^{(t)}-h_{ij}\boldsymbol{e}_j)}{2h_{ij}}, \tag{2.51}$$

其中 $l_i'(\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 为得分函数在 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 点处值的第 i 个分量. 此时, 减少 h_{ij} 会减少离散化误差, 但可能增加计算机四舍五入的误差. 凭经验而论, 在上述情形中对于所有的 i,j, 可取 $h_{ij}=h=\varepsilon^{1/3}$, 其中 ε 表示计算机的浮点精度 (见 [452]).

2.2.3 Gauss-Newton 法

在求 MLE 的问题中, 我们已经指出 Newton 法如何二次近似在 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 点的对数似然函数, 并通过求此二次函数的最大值得到更新 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}$. 另一个在非线性最小二乘中用到的方法为: 通过最大化目标函数 $g(\boldsymbol{\theta})=-\sum\limits_{i=1}^{n}(y_i-f(\boldsymbol{z}_i,\boldsymbol{\theta}))^2$ 来估计 $\boldsymbol{\theta}$, 其

中 $(y_i, \boldsymbol{z}_i)$, $i = 1, \cdots, n$ 为观测数据. 人们可以巧妙地应用这样的目标函数来解决实际问题. 例如, 对于某个非线性函数 f 和随机误差 ϵ_i, 我们可以估计 $\boldsymbol{\theta}$ 以拟合模型

$$Y_i = f(\boldsymbol{z}_i, \boldsymbol{\theta}) + \epsilon_i. \tag{2.52}$$

Gauss-Newton 法不去近似 g, 而是用 f 在点 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 的线性 Taylor 展开近似 f 本身. 由此线性近似替换 f 就成了一个线性最小二乘问题, 而解此问题就得到一个更新 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}$.

特别地, 非线性模型 (2.52) 可被近似为

$$Y_i \approx f(\boldsymbol{z}_i, \boldsymbol{\theta}^{(t)}) + (\boldsymbol{\theta} - \boldsymbol{\theta}^{(t)})^{\mathrm{T}} \boldsymbol{f}'(\boldsymbol{z}_i, \boldsymbol{\theta}^{(t)}) + \epsilon_i = \tilde{f}(\boldsymbol{z}_i, \boldsymbol{\theta}^{(t)}, \boldsymbol{\theta}) + \epsilon_i, \tag{2.53}$$

其中 $\boldsymbol{f}'(\boldsymbol{z}_i, \boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 为 $f(\boldsymbol{z}_i, \boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 关于 $\theta_j^{(t)}, j = 1, \cdots, p$, 在 $(\boldsymbol{z}_i, \boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 处的偏导列向量. 由 $\tilde{g}(\boldsymbol{\theta}) = -\sum\limits_{i=1}^{n} \left[y_i - \tilde{f}(\boldsymbol{z}_i, \boldsymbol{\theta}^{(t)}, \boldsymbol{\theta})\right]^2$ 关于 $\boldsymbol{\theta}$ 的最大值得到 Gauss-Newton 法的迭代值, 而 Newton 法的迭代值则由最大化 g 本身的二次近似得到, 即由 $g(\boldsymbol{\theta}^{(t)}) + (\boldsymbol{\theta} - \boldsymbol{\theta}^{(t)})^{\mathrm{T}} \boldsymbol{g}'(\boldsymbol{\theta}^{(t)}) + (\boldsymbol{\theta} - \boldsymbol{\theta}^{(t)})^{\mathrm{T}} \boldsymbol{g}''(\boldsymbol{\theta}^{(t)})(\boldsymbol{\theta} - \boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 得到.

以 $X_i^{(t)}$ 记取值为 $x_i^{(t)} = y_i - f(\boldsymbol{z}_i, \boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 的工作响应, 且定义 $\boldsymbol{a}_i^{(t)} = \boldsymbol{f}'(\boldsymbol{z}_i, \boldsymbol{\theta}^{(t)})$, 则近似问题可被描述成最小化下面线性回归模型

$$\boldsymbol{X}^{(t)} = \boldsymbol{A}^{(t)}(\boldsymbol{\theta} - \boldsymbol{\theta}^{(t)}) + \boldsymbol{\epsilon}, \tag{2.54}$$

的平方残差, 其中 $\boldsymbol{X}^{(t)}, \boldsymbol{\epsilon}$ 分别是第 i 个分量为 $X_i^{(t)}, \epsilon_i$ 的列向量. 类似地, $\boldsymbol{A}^{(t)}$ 是第 i 行为 $(\boldsymbol{a}_i^{(t)})^{\mathrm{T}}$ 的矩阵.

当

$$(\boldsymbol{\theta} - \boldsymbol{\theta}^{(t)}) = \left((\boldsymbol{A}^{(t)})^{\mathrm{T}} \boldsymbol{A}^{(t)}\right)^{-1} (\boldsymbol{A}^{(t)})^{\mathrm{T}} \boldsymbol{x}^{(t)} \tag{2.55}$$

时, 拟合 (2.54) 式的均方误差达到最小. 于是, 关于 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 的 Gauss-Newton 法的更新为

$$\boldsymbol{\theta}^{(t+1)} = \boldsymbol{\theta}^{(t)} + \left((\boldsymbol{A}^{(t)})^{\mathrm{T}} \boldsymbol{A}^{(t)}\right)^{-1} (\boldsymbol{A}^{(t)})^{\mathrm{T}} \boldsymbol{x}^{(t)}. \tag{2.56}$$

相对于 Newton 法, Gauss-Newton 法的潜在优点在于它不需要计算 Hessian 阵. 当 f 接近线性或模型拟合较好时, Guass-Newton 法的收敛速度很快. 但在其他一些情况, 特别是由于模型拟合不好而当残差很大时, 此方法收敛可能很慢或根本就不收敛 (即使初值很好). 对于这些情况, 现有多种改进的具有良好收敛性质的 Gauss-Newton 法 ([132]).

2.2.4 非线性 Gauss-Seidel 迭代和其他方法

在拟合非线性统计模型 (包括第 12 章的模型) 时, **非线性 Gauss-Seidel 迭代**是经常应用的一种重要方法, 也称此方法为**后退拟合** (backfitting)法或**循环坐标上升法** (cyclic coordinate ascent).

方程 $\boldsymbol{g}'(\boldsymbol{x})=\boldsymbol{0}$ 是一个含有 p 个未知变量的非线性方程组. 对于 $j=1,\cdots,p$, Gauss-Seidel 迭代每次均把 $\boldsymbol{g}'$ 的第 j 个分量看成为 x_j 的单元实函数. 应用任一方便的单元优化方法求解一维方程 $g_j'(x_j^{(t+1)})=0$ 的根. 所有 p 个分量都相继循环得到, 而在每步循环中都将得到每个坐标的最新值, 故每步循环之后, 所有最新值就构成了 $\boldsymbol{x}^{(t+1)}$.

此方法的优点在于它能简化很难的问题. 因为单元算法较多元算法更稳定可靠, 故通过应用 Gauss-Seidel 迭代建立的单元求根问题的解一般易于自动化处理. 再者, 由于单元优化任务易于完成, 故其总的计算量可能小于多元方法所要求的. 总之, 此方法的优点意味着它非常易于编程.

例 2.8 (一个二元优化问题, 续) 图 2.9 给出了利用 Gauss-Seidel 迭代求例 2.4 中讨论过的二元函数最大值的步骤. 不像本章的其他图, 本图中的每一条线段均表示当前解一个坐标的改变. 例如, $\boldsymbol{x}^{(1)}$ 即为从 $\boldsymbol{x}^{(0)}$ 经一步水平和垂直移动后的顶点. 一个完整迭代包括两个单变量迭代. 对于每个单变量优化, 我们应用拟 Newton 法. 注意到, 从单变量优化的角度看, 从 $\boldsymbol{x}^{(0)}$ 向左走的第一个水平迭代是失败的, 由于它没有找到此变量的整体最大值, 而仅找到了此变量的局部最小值. 尽管这并不是我们所希望的, 但经过系列的 Gauss-Seidel 迭代后, 仍能克服此不足, 并能求得整体多元最大值. □

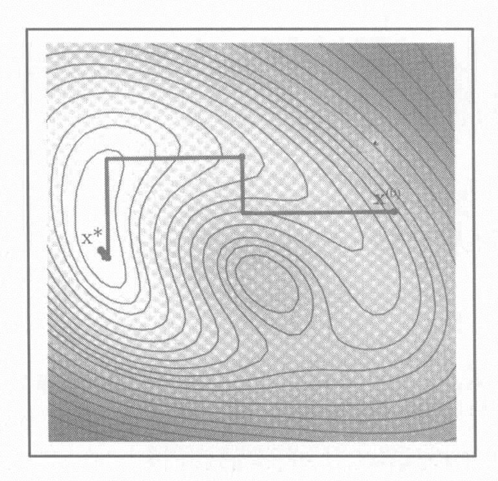


图 2.9 应用 Gauss-Seidel 迭代求在例 2.4 讨论过的某复杂二元函数的最大值. 此函数曲面由阴影及等高线给出. 从初值 $\boldsymbol{x}^{(0)}$ 出发, 几步后就趋于真值 $\boldsymbol{x}^*$. 每一线段都表示当前解的一个坐标的改变, 于是从 $\boldsymbol{x}^{(t)}$ 到 $\boldsymbol{x}^{(t+1)}$ 的完整迭代就由一对相邻的线段构成

多元连续函数的优化是一个广阔的研究领域. 本章其他地方给出的参考文献包含了多种这里没有讲到的方法. *信任区域*(trust region) 方法约束方向与步长; *非线性共轭梯度*(nonlinear conjugate gradient) 法所选取的方向将偏离梯度而朝向以前

没有用过的方向. 由于**多面体**(polytope) 或Nelder-Mead **单纯形法** ([411, 552]) 并不需要求目标函数 $\boldsymbol{g}$ 的导数, 故它非常流行. 此方法包含一系列对应目标函数值的固定长度的点, 用来将看来很有希望的方向上所选的点替换每步迭代中最不好的点.

问　题

2.1 下面数据为来自 Cauchy$(\theta, 1)$ 的独立同分布样本：1.77, −0.23, 2.76, 3.80, 3.47, 56.75, −1.34, 4.24, −2.44, 3.29, 3.71, −2.40, 4.53, −0.07, −1.05, −13.87, −2.53, −1.75, 0.27, 43.21.

(a) 画出对数似然函数曲线. 当初值为：−11, −1, 0, 1.5, 4, 4.7, 7, 8 和 38 时, 应用 Newton-Raphson 方法求 θ 的 MLE, 讨论你得到的结果, 并回答：这些数据的均值是一个好的初值吗?

(b) 应用初值为 −1 和 1 的二分法, 并通过附加运算说明二分法何时可能无法求得整体最大值.

(c) 应用初值为 −1, $\alpha = 1, 0.64, 0.25$ 的 (2.29) 式给出的不动点法, 并研究其他初值和刻度因子的选取.

(d) 应用初值为 $(\theta^{(0)}, \theta^{(1)}) = (-2, -1)$ 的正割法来估计 θ. 当采用初值 $(\theta^{(0)}, \theta^{(1)}) = (-3, 3)$ 或其他值时, 情况如何?

(e) 通过本例比较 Newton-Raphson 方法、二分法、不动点法和正割法的速度和稳定性. 当你把上述方法应用于一个来自 $N(\theta, 1)$ 的 20 个随机样本时, 你的结论有无改变?

2.2 设密度函数为 $f(x) = \frac{1-\cos\{x-\theta\}}{2\pi}, 0 \leqslant x \leqslant 2\pi$, 其中 θ 是介于 $-\pi$ 和 π 间的参数, 且来自此密度的独立同分布的样本为：3.91, 4.85, 2.28, 4.06, 3.70, 4.04, 5.46, 3.53, 2.28, 1.96, 2.53, 3.88, 2.22, 3.47, 4.82, 2.46, 2.99, 2.54, 0.52, 2.50. 我们希望估计 θ.

(a) 画出在 $-\pi$ 和 π 间的对数似然函数.

(b) 求 θ 的矩估计.

(c) 把 (b) 求得的估计作为初值, 用 Newton-Raphson 方法求 θ 的 MLE. 当采用初值 −2.7 和 2.7 时, 你得到的结果如何?

(d) 当初值为 $-\pi$ 和 π 间的 200 个等距分隔时, 重复 (c). 把这些初值分成若干个独立的组, 而每组对应着同一个最优值 (一个局部众数), 讨论你的结果.

(e) 找两个尽可能近似相等的初值, 对 Newton-Raphson 方法来说它们收敛到两个不同的解.

2.3 假设在某个种群中其个体的存活时间 t 具有密度函数 f 和累积分布函数 F, 则 $S(t) = 1 - F(t)$ 为其**生存函数**,而其**危险函数**(hazard function) 为 $h(t) = f(t)/(1 - F(t))$, 它表示在其已存活时间为 t 的条件下在时刻 t 死亡的瞬时风险. 比例危险模型假设危险函数依赖于时间 t 和协变向量 $\boldsymbol{x}$, 且其模型为

$$h(t|x) = \lambda(t) \exp\{\boldsymbol{x}^{\mathrm{T}} \boldsymbol{\beta}\},$$

其中 $\boldsymbol{\beta}$ 为一参数向量.

如果 $\Lambda(t)=\int_{-\infty}^{t}\lambda(u)\mathrm{d}u$, 则易证 $S(t)=\exp\left\{-\Lambda(t)\exp\{\boldsymbol{x}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{\beta}\}\right\}$, $f(t)=\lambda(t)\exp\left\{\boldsymbol{x}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{\beta}-\Lambda(t)\exp\{\boldsymbol{x}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{\beta}\}\right\}$.

(a) 假设我们的数据在生存时间 $t_i(i=1,\cdots,n)$ 处删失, 即在研究结束时, 一个患者要么已死 (知道其生存时间), 要么仍存活 (删失时间, 知道其至少在研究结束时仍存活). 如果 t_i 不是删失时间, 则定义 w_i 为 1, 否则定义 w_i 为 0. 证明其对数似然具有如下形式:

$$\sum_{i=1}^{n}(w_i\log\{\mu_i\}-\mu_i)+\sum_{i=1}^{n}w_i\log\left\{\frac{\lambda(t_i)}{\Lambda(t_i)}\right\},$$

其中 $\mu_i=\Lambda(t_i)\exp\{\boldsymbol{x}_i^{\mathrm{T}}\boldsymbol{\beta}\}$.

(b) 考虑模拟临床试验中急性白血病患者的缓解时间长度. 在研究中, 每一个患者要么服用 6- 巯基嘌呤 (6-MP), 要么服用安慰剂 ([177]). 从研究开始 1 年后, 每一位患者的缓解时间 (周) 被记录在表 2.2 中. 由于某些患者的缓解时间超过了研究期限, 故有些结果是删失数据. 此项研究的目的在于确定 6-MP 这种处理是否能延长缓解时间. 假设 $\Lambda(t)=t^{\alpha}$, 其中 $\alpha>0$, 且由此产生的危险函数正比例于 $\alpha t^{\alpha-1}$ 且为 Weibull 密度: $f(t)=\alpha t^{\alpha-1}\exp\left\{\boldsymbol{x}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{\beta}-t^{\alpha}\exp\{\boldsymbol{x}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{\beta}\}\right\}$. 把协变向量参数化成 $\boldsymbol{x}_i^{\mathrm{T}}\boldsymbol{\beta}=\beta_0+\delta_i\beta_1$, 如果第 i 个患者服用 6-MP, 则 δ_i 为 1, 否则为 0. 编制 Newton-Raphson 算法程序求 α,β_0,β_1 的 MLE.

表 2.2 在一个缓解急性白血病患者的临床试验中, 处理组与控制组的缓解长度 (周), 括号中的数据为删失的. 对于删失情况, 此患者的缓解时间至少为括号中给出的数据

处理	(6)	6	6	6	7	(9)	(10)
	10	(11)	13	16	(17)	(19)	(20)
	22	23	(25)	(32)	(32)	(34)	(35)
控制	1	1	2	2	3	4	4
	5	5	8	8	8	8	11
	11	12	12	15	17	22	23

(c) 应用任一种打包软件中的 Newton-Raphson 或拟 Newton 法来求解上述 MLE.

(d) 估计你给出的 MLE 的标准误差, 这些估计是高度相关的吗? 记录它们间的两两相关.

(e) 应用非线性 Gauss-Seidel 迭代求 MLE. 相对于多元 Newton-Raphson 法而言, 此方法易于操作, 请对此作些评价.

(f) 应用离散 Newton 法求 MLE, 并评价此方法的稳定性.

2.4 某参数 θ 的后验分布为 Gamma(2,1), 求 θ 的 95%HPD 区间, 即此区间以 95% 的后验概率保证落在此区间内任一点的后验密度都不低于此区间外任一点的密度. 由于 Gamma 密度是单峰的, 故此区间也是包含 95% 后验概率的最短区间.

2.5 在 1974 年至 1999 年期间, 美国水域共有 46 起严重的原油泄露事件, 且每次从油轮泄露出的原油不少于 1 000 桶. 本书主页包含如下数据: 第 i 年的泄露数 N_i; 第 i 年作为美国进出口一部分的在美国水域经油轮运输原油总量的估计值 b_{i1}(此值根据在国际或

国外水域的泄露量进行了调整)；第 i 年在美国水域经国内油轮运输的原油总量 b_{i2}. 此数据来源于 [11], 原油运输总量以百万桶 (Bbbl) 计.

原油的油轮运输量是泄露风险的一个度量. 假设给定 b_{i1}, b_{i1} 下 N_i 的分布为 Poisson 分布, 即 $N_i|b_{i1}, b_{i2} \sim P(\lambda_i)$, 其中 $\lambda_i = \alpha_1 b_{i1} + \alpha_2 b_{i2}$. 此模型的参数为 α_1, α_2, 它们分别表示在进出口和国内运输时每百万桶发生泄露的比率.

(a) 给出用 Newton-Raphson 法求 α_1, α_2 的 MLE 的更新方程.

(b) 给出用 Fisher 得分法求 α_1, α_2 的 MLE 的更新方程.

(c) 针对此问题, 运行 Newton-Raphson 法和 Fisher 得分法, 给出其 MLE, 并从是否易于操作及表现上比较这两种方法.

(d) 估计 α_1, α_2 的 MLE 的标准误差.

(e) 应用带有步长取半的倒向追踪的最速上升法, 求其 MLE.

(f) 用由 (2.49) 式给出的 Hessian 阵的近似更新, 考虑应用拟 Newton 优化法.

(g) 类似于图 2.8, 画一个用来比较在 (a)—(f) 中所用方法的路径图, 所选的区域和初值能很好地说明上述算法的表现.

2.6 表 2.3 给出了各个时间点面象虫 (flour beetle) 或杂拟谷盗 (tribolium confusum) 群体的数量, 在每个成长阶段的面象虫都被记录, 且仔细控制其所用面粉.

表 2.3　超过 154 天的每个成长阶段的面象虫数量

天数	0	8	28	41	63	79	97	117	135	154
面象虫	2	47	192	256	768	896	1 120	896	1 184	1 024

种群生长的一个基本模型就是下面的逻辑斯蒂模型

$$\frac{\mathrm{d}N}{\mathrm{d}t} = rN\left(1 - \frac{N}{K}\right), \tag{2.57}$$

其中 N 是种群数量, t 是时间, r 是生长率参数, K 表示对环境的承载能力. 此微分方程的解为

$$N_t = f(t) = \frac{KN_0}{N_0 + (K - N_0)\exp\{-rt\}}, \tag{2.58}$$

其中 N_t 表示时刻 t 时的种群数量.

(a) 用逻辑斯蒂生长模型拟合面象虫, 并用 Gauss-Newton 法最小化模型预测数量与观测数量间的平方误差.

(b) 用逻辑斯蒂生长模型拟合面象虫, 并用 Newton-Raphson 法最小化模型预测数量与观测数量间的平方误差.

(c) 在多个种群模拟应用中, 多采用对数正态假设. 一个最简单的假设即假设 $\log N_t$ 独立地服从均值为 $\log f(t)$, 方差为 σ^2 的正态分布. 用 Gauss-Newton 法和 Newton-Raphson 法求在此假设下的 MLE, 给出参数估计的标准误差, 并估计二者间的相关, 且给出你的评价.

第3章 组合优化

当了解到存在着多数方法均无法解决的优化问题时, 多少都令人有些沮丧.

尽管在某些非统计教科书上经常需要求最小值, 但除了 3.4 节外, 本章都将从最大化角度提出这些问题. 对于统计应用而言, 最大化对数似然等价于最小化负的对数似然.

假设我们的目的在于求函数 $f(\boldsymbol{\theta})$ 关于 $\boldsymbol{\theta}=(\theta_1,\cdots,\theta_p)$ 的最大值, 其中 $\boldsymbol{\theta}\in\Theta$ 且 Θ 中元素的个数为有限正整数 N. 在统计应用中, 似然函数经常都依赖于结构参数 (configuration parameter), 而结构参数是用来描述统计模型形状的, 且它有多种互不关联的选择. 如果最好的结构参数是已知的, 则其余少数参数就很容易被优化. 此时, 我们可以把 $f(\boldsymbol{\theta})$ 看作结构参数 $\boldsymbol{\theta}$ 的对数偏似然, 也就是说, 通过应用结构参数, 可取得最大似然值. 3.1.1 节给出了几个例子.

每一个 $\boldsymbol{\theta}\in\Theta$ 都被称为*候选解*(candidate solution). 令 $f_{\max}$ 为 $f(\boldsymbol{\theta})$ 在 Θ 内可达的整体最大值, 且令 $\mathcal{M}=\{\boldsymbol{\theta}\in\Theta: f(\boldsymbol{\theta})=f_{\max}\}$ 为函数的最大值集. 如果有结 (tie), 则 $\mathcal{M}$ 包含的元素多于一个. 不论 Θ 有限与否, 如果存在令人迷惑的局部最大值, 平稳解, 或在 Θ 中趋向最大值的路径很长或当 N 很大时, 求得 $\mathcal{M}$ 中的一个元素是非常困难的.

3.1 难题和 NP 完备性

实际上, 组合优化问题一般是很难的. 在这样的问题中, 关于 p 个数的组合或排列有许多种, 而其中每一种都对应着可能解空间中的一个元素, 而最大化则需要在这个很大空间中进行搜索.

例如, 我们考虑*旅行商问题*(traveling salesman problem). 在此问题中, 旅行商必须访问 p 个城市中的每一个, 且只访问一次后再回到出发地, 并要求其总的旅行距离最短, 即我们要求在所有可能的路线中寻找总旅行距离最短者 (也即要最大化其负距离). 如果两个城市间的距离不依赖于旅行商的旅行方向, 则路线共有 $(p-1)!/2$ 种可能 (因为出发点与旅行方向是任意的). 注意, 任一次旅行都对应着数 $1,\cdots,p$ 的一个排列, 而此排列即表示访问城市的顺序.

为考虑解此类问题的难度, 先讨论要得到求解此问题所需的算法需要几步, 其中每一步都是简单的运算, 如四则运算、比较和分支指令 (branching) 等. 当然, 运算次数依赖于相关问题的大小. 一般地, 问题的大小是以此问题需要的输入次数来

衡量的. 对于旅行商问题, 其大小则取决于排列后 p 个城市的位置. 为刻画一个大小为 p 的问题的难度, 通常是在最差的情形下用已知的最好算法解决此问题所需要的运算次数来衡量.

因为运算次数随所用语言和策略在改变, 故它仅是一个粗糙的概念. 然而, 应用记号 $O(h(p))$ 来界定运算次数是很方便的. 如果 $h(p)$ 是 p 阶多项式, 则称此算法为多项式算法.

尽管在一台计算机上的实际运行时间依赖于计算机速度, 但我们一般均假设每次运算都需要相同的时间 (一个时间单位), 故运行时间就等价于运算次数. 于是, 尽管不同算法的绝对运行时间不同, 但我们可以用运行速度来比较算法的速度.

考虑大小 $p=20$ 的两个问题. 假设第一个问题可以在多项式时间 (比如 $O(p^2)$ 次运算) 内解决, 且在自己办公室的计算机上, 求解需 1 分钟. 于是, 解决大小为 21 的问题将多需要几秒钟; 解决大小为 25 的问题需要 1.57 分钟; 大小为 30 的问题需要 2.25 分钟; 大小为 50 的问题需要 6.25 分钟. 假设第二个问题的时间为 $O(p!)$, 且解决一个大小为 20 的问题需要 1 分钟, 则大小为 21 的问题需要 21 分钟; 大小为 25 的问题需要 12.1 年 (6 375 600 分钟); 大小为 30 的问题需要 252 亿 7 百万年; 大小为 50 的问题需要 2.4×10^{40} 年. 类似地, 如果用一个运算次数为 $O(p!)$ 阶的算法解决大小为 20 的旅行商问题需要 1 分钟, 则要帮助此旅行商确定一个旅行美国 50 个州的最佳路线的时间要比宇宙的寿命还要长. 另外, 用速度快 1 000 倍的计算机也不太可能降低难度. 结论是严酷的, 即求解某些优化问题是非常困难的. 一个多项式问题, 即使对于大的 p 和高阶多项式, 其复杂度也远小于很小的非多项式问题的复杂度.

关于问题复杂度的讨论见 [189,425]. 为便于将来讨论此问题, 我们必须严格区别优化(搜索) 问题和决策(识别) 问题. 迄今为止, 我们已考虑了如下形式的优化问题:“求 $\boldsymbol{\theta}\in\boldsymbol{\Theta}$ 使其最大化 $f(\boldsymbol{\theta})$”. 而与此相对应的决策问题为:“对于固定的常数 c, 是否存在一个 $\boldsymbol{\theta}\in\boldsymbol{\Theta}$ 使得 $f(\boldsymbol{\theta})>c$?” 显然, 上述两个问题有着密切的关系. 通常, 我们可以通过适当地选取 c 的值而重复求解决策问题以解决优化问题.

一般地, 在多项式时间内能解决的决策问题 (例如, 对于 p 个输入, 共有 $O(p^k)$ 个运算, 其中 k 为常数) 都被认为是能有效求解的 ([189]). 以集合 P 表示这些问题的全体. 一个问题一旦能被一个时间为多项式的算法解决, 则其多项式阶数经常很快地被减少为一个实际可接受的水平 ([425]). 如果能验证一个决策问题可以在多项式时间内被解决, 则称之为一个 NP 问题. 显然, 一个在 P 中的问题肯定是 NP 问题. 然而, 可能存在许多决策问题, 如旅行商问题, 易于验证且难于求解. 事实上, 许多 NP 问题都很难在多项式时间内求得其解. 另外, 也已证明许多 NP 问题属于某个特殊集合, 只要一个算法能解决此集合中的一个问题, 则此算法也可解决此集合中其他问题. 称此集合为完备 NP 问题族 (class of NP-complete problems). 当然,

也存在着许多其他类别的困难问题. 对于这些困难问题, 即使无法证明此问题为完备 NP 问题, 但一个多项式算法 (如果能找到的话) 也将可以求解所有的完备 NP 问题. 则称这些困难问题为 NP 难题 (NP-hard problems). 现仍有多个很难的组合决策问题, 它们可能是完备 NP 问题或 NP 难题, 但仍未能够证明它们具体属于哪类. 最后, 优化问题并不比其对应的决策问题容易, 且我们仍可以用上述分类方法把优化问题分类.

现已证明, 如果任一个完备 NP 问题都有一个多项式算法, 则一定存在适用所有完备 NP 问题的多项式算法. 科学家们未能找到适用于所有完备 NP 问题的多项式算法. 由此引出一个著名猜想: 对于任一完备 NP 问题都不存在多项式算法. 此猜想的证明或反例仍属于数学中的几大未解问题之一.

由此让我们认识到现仍存在多个很难的优化问题, 且用传统方法很难严格地将其解决. 如在生物信息、试验设计和非参数统计模拟中的多个问题需要组合优化.

3.1.1 几个例子

现在统计学家已慢慢认识到, 在主流统计模型拟合中经常遇到组合优化的问题. 下面我们给出两个例子. 一般地, 如果模型拟合需要利用最优决策以确定可能参数集中的哪些参数出现在模型中, 则它经常是一个组合优化问题.

例 3.1 (遗传学) 我们经常利用非常复杂的组合优化问题来分析个体和近亲个体群的基因数据. 比如, 一个染色体的基因定位问题就是遗传图问题.

一个染色体中的基因或更一般的基因标记都可以用一个记号序列来表示. 而沿着染色体的每个记号的位置称为它的*位点*(locus). 记号标示出基因或基因标记, 而存储在一个位点的特定内容就是一个*等位基因*(allele).

由于诸如人类的二倍体物种都有一对染色体. 于是, 在任一位点都有两个等位基因. 如果一个位点的两个等位基因相同, 则称此个体在此位点是*纯合的*(homozygous); 否则, 称之为*杂合的*(heterozygous). 无论哪种情况, 每一亲本都在子本一对染色体中的每个位点贡献一个等位基因. 由于在子本染色体对的相应位点, 亲本有两个等位基因, 故亲本的贡献有两种可能. 尽管亲本的每一等位基因都有 50% 的机会贡献给子本, 但来自特定亲本的贡献并不是随机独立的. 相反, 一个亲本的贡献包括一条染色体, 且这条染色体是在*减数分裂*(meiosis) 期间由此父本两条染色体中的染色体片段所构成的, 而这些片段将含有多个位点. 当在所贡献的染色体中的等位基因从来自亲本中某一条染色体变成来自另一条染色体时, 就出现了一个*交叉互换*(crossover). 图 3.1 给出了在减数分裂期间出现的一个交叉互换及由一个亲本贡献给子本的染色体. 这种贡献方法意味着此亲本中的一条染色体上位点非常接近的等位基因最有可能一起出现在由此亲本贡献的染色体中.

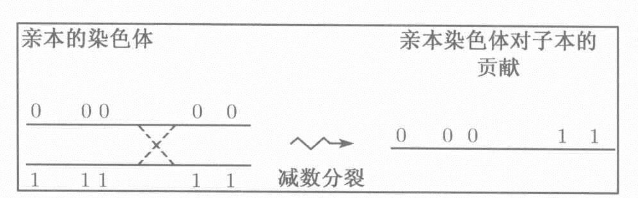


图 3.1 在减数分裂期间, 一个交叉互换出现在第三个位点与第四个位点之间. 0 和 1 分别表示每个等位基因在贡献染色体上的原始位置. 为简单, 此处仅给出了一个亲本贡献

当在一条亲本染色体两个位点的等位基因经常频繁地 (相对于偶然机会所期望的而言) 一起出现在贡献的染色体上时, 我们就称它们是**关联的或连接的**(linked). 当在一条亲本染色体两个不同位点的等位基因没有同时出现在贡献的染色体上时, 则在位点间出现了**重组** (recombination). 重组频率决定了两个位点间的关联度, 而且少见的重组对应着强关联, 两个位点间的关联度或**图距离** (map distance) 对应着两个位点间交叉互换的期望次数.

一个 p 个标记的遗传图包含着其位点的一个排序和相邻位点间的重组距离或概率列表. 给每个位点分配一个标号 $l(l = 1, 2, \cdots, p)$. 以 $\boldsymbol{\theta} = (\theta_1, \cdots, \theta_p)$ 表示图的排序部分 (ordering component). 它表示 p 个位点标号的位置沿着染色体的排列, 且如果标号为 l 的位点处于染色体的第 j 个位置, 则 $\theta_j = l$. 于是, $\boldsymbol{\theta}$ 是整数 $1, 2, \cdots, p$ 的一个排列. 一个遗传图的其他部分就是相邻位点间距离的列表. 令相邻位点 θ_j 和 θ_{j+1} 间的重组概率为 $d(\theta_j, \theta_{j+1})$, 且其总和为位点间的图距离. 图 3.2 给出了一个图例.

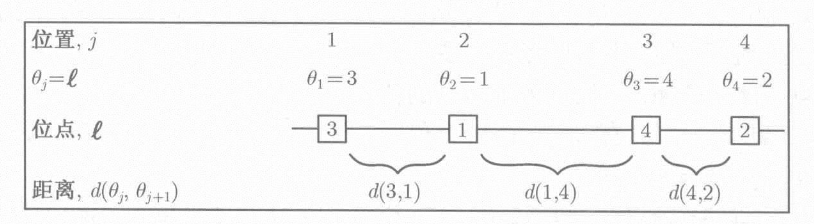


图 3.2 有 $p = 4$ 个位点的遗传图例. 以在盒子中的号码表示染色体相应位置上的位点. 位点的正确顺序列由 θ_j 定义, 位点间的距离为 $d(\theta_j, \theta_{j+1}), j = 1, 2, 3$

此图可由一组样本在 p 个位点观测到的基因来估计, 而此组样本为来自 p 个位点均杂合的亲本在减数分裂期间所生成的 n 条染色体. 而每条染色体均表示成由 0 和 1 组成的一个序列, 且由它们标示出了每一个等位基因在贡献亲本中的原始位置. 例如, 在图 3.1 右边所描述的染色体可用 '00011' 表示, 这是因为前三个等位基因来自此亲本的第一条染色体, 而后两个等位基因来自此亲本的第二条染色体.

令随机变量 X_{i,θ_j} 表示在减数分裂期间生成的第 i 条染色体中标号为 θ_j 的位点上的核心基因的原始位置. 数据集包括这些随机变量的观测 x_{i,θ_j}. 于是, 如

果 $|x_{i,\theta_j} - x_{i,\theta_{j+1}}| = 1$, 则第 i 条染色体的两个相邻标记就出现了一个重组; 如果 $|x_{i,\theta_j} - x_{i,\theta_{j+1}}| = 0$, 则没有观测到重组. 如果假设每个区间内重组事件的发生是独立的, 则一个给定图的概率为

$$\prod_{j=1}^{p-1}\prod_{i=1}^{n}\left\{(1-d(\theta_j,\theta_{j+1}))\left(1-|x_{i,\theta_j}-x_{i,\theta_{j+1}}|\right)+d(\theta_j,\theta_{j+1})|x_{i,\theta_j}-x_{i,\theta_{j+1}}|\right\}. \tag{3.1}$$

给定一个顺序 $\boldsymbol{\theta}$, 易得重组概率的 MLE 为

$$\hat{d}(\theta_j,\theta_{j+1}) = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}|x_{i,\theta_j}-x_{i,\theta_{j+1}}|. \tag{3.2}$$

给定 $d(\theta_j,\theta_{j+1})$, 则介于位置为 j 和 $j+1$ 的位点间的重组数为 $\sum_{i=1}^{n}|X_{i,\theta_j}-X_{i,\theta_{j+1}}|$, 且它服从二项分布 $\mathrm{B}(n, d(\theta_j,\theta_{j+1}))$. 我们可以通过加入 $p-1$ 个相邻位点集的对数似然和用条件极大似然估计 $\hat{d}(\theta_j,\theta_{j+1})$ 替代 $d(\theta_j,\theta_{j+1})$ 来计算 $\boldsymbol{\theta}$ 的偏似然. 对于任意 $\boldsymbol{\theta}$, 以 $\hat{\mathbf{d}}(\boldsymbol{\theta})$ 计算这些极大似然估计, 则 $\boldsymbol{\theta}$ 的偏似然为

$$\begin{aligned} l(\boldsymbol{\theta}|\hat{\mathbf{d}}(\boldsymbol{\theta})) &= \sum_{j=1}^{p-1} n\left\{\hat{d}(\theta_j,\theta_{j+1})\log\{\hat{d}(\theta_j,\theta_{j+1})\}+(1-\hat{d}(\theta_j,\theta_{j+1}))\log\{1-\hat{d}(\theta_j,\theta_{j+1})\}\right\} \\ &= \sum_{j=1}^{p-1} T(\theta_j,\theta_{j+1}), \end{aligned} \tag{3.3}$$

其中如果 $\hat{d}(\theta_j,\theta_{j+1})$ 为 0 或 1, $T(\theta_j,\theta_{j+1})$ 为 0. 则通过求取 (3.3) 在 $\boldsymbol{\theta}$ 的所有排列中的最大值, 可求得极大似然遗传图. 注意到 (3.3) 式中的每一项 $T(\theta_j,\theta_{j+1})$ 的值仅依赖于两个位点. 假设可列举所有的位点对, 且对所有的 $1 \leqslant i < j \leqslant p$, $T(i,j)$ 都可算得, 则 $T(i,j)$ 共有 $p(p-1)/2$ 个值. 于是, 对于任一排列 $\boldsymbol{\theta}$, 其偏函数可立即由加和 $T(i,j)$ 的某些值得到.

然而, 求取偏似然遗传图需要在 $p!/2$ 个可能排列中寻找最大的偏似然. 这是旅行商问题的变形, 其中每一个基因标记对应着一个城市, 且城市 i 与 j 间的距离为 $T(i,j)$. 旅行商的旅行可从任一城市出发、在拜访的最后一个城市结束, 且其前进与倒退是等价的. 目前还没有在多项式时间内能解决一般旅行商问题的已知算法.

此例子的其他细节和推广请见 [190, 483]. □

例 3.2 (回归中的变量选择) 考虑有 p 个潜在预测变量的多元线性回归问题. 选取合适模型是回归中最基本的步骤. 对于给定的独立变量 Y 和候选预测变量 $x_1, x_2, \cdots, x_p$, 我们需要找到形如 $Y = \beta_0 + \sum_{j=1}^{s}\beta_{i_j}x_{i_j} + \epsilon$ 的最佳模型, 其中 $\{i_1, \cdots, i_s\}$ 为 $\{1, \cdots, p\}$ 的一个子集, ϵ 为随机误差. 另外, 最佳模型的定义可能多种多样.

假设我们的目的在于应用 Akaike 信息准则 (AIC) 来选取最佳模型 ([7, 75]). 我们要寻找预测变量的一个子集以最大化拟合模型的 AIC:

$$\mathrm{AIC} = N \log\{\mathrm{RSS}/N\} + 2(s+2), \tag{3.4}$$

其中 N 为样本变量, s 为模型中预测变量的个数, RSS 为残差平方和. 另外, 当考虑 Bayes 回归时, 假设利用正态 -Gamma 共轭先验: $\boldsymbol{\beta} \sim N(\boldsymbol{\mu}, \sigma^2\boldsymbol{V}), \nu\lambda/\sigma^2 \sim \chi^2_\nu$. 此时, 人们转而求取对应着最大化后验概率模型的预测变量子集 ([445]).

无论对于上述哪种情况, 因为每个变量或截距项都可能被选入或去掉, 故变量选择问题就是在 2^{p+1} 个可能的模型中择优. 对于 2^{p+1} 个可能模型中的每一个, 都需要估计最优的 β_{i_j}. 而对于任一给定模型, 此步很容易实施. 尽管现已有一些搜索算法可用来进行经典回归模型的选择, 且比穷举搜索法更有效, 但它仅对相对较小的 p 才可行 ([188, 396]). 我们知道, 为求取 AIC 或 Bayes 角度的整体最优值, 现仍没有一个有效的一般算法. □

3.1.2 需要启发式算法

如此具有挑战性的问题的存在要求我们对最优化进行新的思考. 我们有必要放弃那些能保证找到整体最优 (在适当条件下) 但在实际可操作的时间内不可能完成的算法. 取而代之的是, 我们转而寻找那些在可容忍的时间内能找到一个好的局部最大值的算法.

有时称这样的算法为启发式算法. 我们希望利用这些算法平衡速度与整体最优, 从而找到一个可与整体最优竞争的候选者 (也就是接近最优值). 启发式算法的两个基本特征是:

(1) 逐步改进当前的候选解;

(2) 限制任一步迭代仅在局部邻域里寻找.

这两个特征表明启发式算法首先强调的是局部搜索策略.

没有一种启发式算法能很好地处理所有问题. 事实上, 以处理所有可能的离散函数的平均表现来看, 也不存在一种搜索算法, 其表现较别的好 ([487, 573]). 显然, 对不同问题采用不同的启发式算法是明智的. 于是除局部搜索外, 我们还将研究禁忌算法 (tabu algorithm), 模拟退火(simulated annealing)和遗传算法(genetic algorithm).

3.2 局部搜索

局部搜索是一个非常广阔的优化范例. 本章讲述的所有方法均属于局部搜索. 在本节将引出某些局部搜索的最简单最一般的变化, 如k 最优和随机初值的局部搜索.

基本的局部搜索是一种迭代方法. 它用 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}$ 来更新当前第 t 步迭代的候选解 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$. 此时的更新称为*一步移动*(move) 或*一步运算*(step). 一步或多步可能的移动均来自 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 的一个邻域 $\mathcal{N}(\boldsymbol{\theta}^{(t)})$. 局部搜索相对于整体或穷尽搜索的优点在于: 在每一步迭代, 它仅需要在 $\boldsymbol{\Theta}$ 的很小部分中进行搜索, 而 $\boldsymbol{\Theta}$ 的大部分均不需要验证. 其缺点在于: 搜索可能在某个不满意的局部最大值处停止.

当前候选解的邻域 $\mathcal{N}(\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 包含那些在 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 附近的候选解, 而这种临近性通过限制改变当前候选解 (用来生成其他候选解的当前解) 的次数来保证. 实际上, 我们最好仅对当前候选解进行简单改变, 以期得到一个易于搜索与抽样的小邻域. 较复杂的改变是难于概念化和编程的, 且运算很慢. 另外, 它们的表现也少有改进, 尽管直观上看大邻域产生较差局部最大值的可能性较小. 如果某邻域允许对当前候选解有 k 种变化, 则称此邻域为*k- 邻域*, 且称对当前候选解的 k 个特征的改变为一个*k- 变化*.

有意识地模糊一个邻域的定义就是允许在多种问题中灵活应用这一术语. 对于在例 3.1 中引进的遗传图问题, 假设 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 为基因标记的当前顺序, 则一个简单邻域即为在交换顺序为 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 的染色体上两个标记的位置所得顺序的集合. 在例 3.2 的回归模型的选择问题中, 一个简单邻域即为由 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 增加或减少一个预测变量的模型集合.

一个局部邻域通常将包括几个候选解. 在每一步迭代, 一个显而易见的策略就是在当前邻域的所有候选解中选择最优的, 这就是*最速上升法*(steepest ascent). 为促进其表现, 人们首先会考虑替换随机选取的邻域以使得其目标函数超过它前面的值, 这即为*随机上升法*(random ascent) 或*其次上升法*(next ascent).

如果最速上升法应用 k- 邻域, 则称其解为*k- 最优的*. 另外, 任何由 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 上升到 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}$ 的局部搜索算法就是一个*上升算法*, 即使它的上升高度在 $\mathcal{N}(\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 中可能不是最高的.

不管全局最优而只在小邻域中序贯地选择最优值的算法是*贪婪算法* (greedy algorithm). 一个采用贪婪算法的象棋手可能不顾后果而仅考虑当前的最优移动: 他可能移动马去吃对方的卒而不考虑其马下步可能会被对手吃掉. 在从当前候选解邻域选取一个新候选解时, 聪明的做法是必须在眼前最佳移动和寻找具有整体竞争力解之间保持平衡. 为避免一个不好的局部最大值, 有时避开 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 方向上的最优邻域也可能是合理的, 这一点将在后面看到. 例如, 当 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 是一个局部最大值时, *最速上升法/适度下降法*(steepest ascent/mildest descent, [266]) 允许下一步 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)} \in \mathcal{N}(\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 为最适合的 (见 3.3 节). 现有多种用来从 $\mathcal{N}(\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 中选取一个候选解邻域的技术以及用来决定是采用新的还是保留 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 的随机决策准则. 这些算法均产生一条马氏链 $\{\boldsymbol{\theta}^{(t)}\}(t=0,1,\cdots)$ 并且与第 7 章的模拟退火 (3.4 节) 及其他方法都密切相关.

对于 k- 变化的最速上升法, 当 k 大于 1 或 2 时, 由于其邻域的大小随 k 迅速增加, 故在当前邻域内的搜索可能非常困难. 对于大的 k, 把 k- 变化分成几个小的部分, 之后在较小的邻域内序贯地选取最优候选解是非常有益的. 为提升搜索的多样性, 可以把一步 k 变化分解成几个较小的序列变化, 并结合准许一个或多个较小步为子集最优 (如随机的) 的策略. 这样的*可变深度*(variable-depth)*的局部搜索法*允许一个更好的潜在步偏离当前的候选解, 即使它在 k- 邻域中不可能是最优的.

上升算法经常收敛于一个不具有整体竞争力的局部最大值, *随机初值的局部搜索* (random starts local search) 技术即为克服这一不足的一种方法. 此时, 从多个初值出发, 重复运行一个简单的上升算法直到结束. 这些初值是随机选取的. 选取初值的一个最简单方法即是在 $\boldsymbol{\Theta}$ 中独立且均匀地随机选取. 某些精致方法可能考虑某种类型的分层抽样, 而其层是通过某些试运行以期分解 $\boldsymbol{\Theta}$ 成几个具有不同收敛行为的区域来得到的.

仅依赖随机初值来避免局部最大值看来不是令人很满意. 在后面几节, 我们将引入一些修改的局部搜索法, 而这些修改的目的在于每一次运行均有机会求得具有整体竞争力的候选解, 也可能是整体最优值. 当然, 也可结合应用多重随机初值的策略和这些修改方法以提供一个更可信的最优解.

例 3.3 (棒球运动员的薪水) 实际上, 如果时间允许采用多个随机初值, 则由于随机初值的局部搜索法易于编程且运行速度快, 故它是一种非常有效的方法. 这里, 我们考虑它在回归模型选择问题上的应用.

表 3.1 列出了 27 个反映棒球员表现好坏的变量, 如击球百分比和本垒打数. 这些数据来自 1991 年的 337 位球员 (不包括投手). 球员在 1992 年的薪水 (单位: 千美元) 可能与上一赛季的这些变量有关. 这些数据来自 [555], 也可从本书主页上下载. 我们把薪水变量的对数作为响应变量, 其目的在于应用线性回归模型来求取预测薪水对数的最优预测变量子集. 如假设任一模型均有截距项, 则搜索空间共有 $2^{27} = 134\ 217\ 728$ 个可能的模型.

表 3.1 影响棒球员薪水的潜在变量

1. 击球率	10. 三击未中出局 (SO)	19. 每个 SO 的跑垒数
2. 在垒的百分比 (OBP)	11. 盗垒数 (SB)	20. OBP/失误
3. 纪录到的跑垒得分	12. 失误	21. 每次失误的跑垒得分
4. 安打数	13. 自由队员 [a]	22. 每次失误的安打
5. 二垒打	14. 仲裁 [b]	23. 每次失误的 HR
6. 三垒安打	15. 每次 SO 的得分	24. SO× 失误
7. 本垒打 (HR)	16. 每次 SO 的安打	25. SB×OBP
8. 击球跑垒得分 (RBI)	17. 每次 SO 的 HR	26. SB× 跑垒得分
9. 跑垒数	18. 每次 SO 的 RBI	27. SB× 安打

a 自由队员或有资格的队员. b 仲裁或有仲裁资格的人.

图 3.3 给出了用随机初值的局部搜索方法来求使 AIC 最小的相应回归模型的图例. 由于可把此问题看成求负 AIC 的最大值问题, 于是, 可用上升搜索来衡量其表现. 邻域仅局限于对当前模型添加或去掉一个变量的一个变化来生成. 从 5 个随机选取的变量子集 (即五个初值) 开始搜索, 且分配给每个初值 14 步. 每步移动均由最速上升所决定. 由于每步最速上升均要求搜索 27 个邻域, 于是, 这个小例子就要求对目标函数进行 1 890 次计算. 在本章其余部分的关于其他启发式算法的例子中, 将对目标函数的计算加以适当的限制.

图 3.3 给出了每步最优模型的 AIC 值. 由于很快就找到了局部最大值, 故某些设计好的移动就变得没有用了. 表 3.2 汇总了搜索的一些结果. 第 2 个和第 4 个随机初值 (记为 LS(2, 4)) 得到最优的 AIC 为 -416.95, 其模型包含变量 2, 3, 6, 8, 10, 13, 14, 15, 16, 24, 25 和 26. 最差的随机初值为第 5 个, 其对应模型的 AIC 为 -413.52 且有 10 个变量. 为了比较, 贪婪逐步回归法 (S-Plus 中的`step()`过程 [544]) 选取的模型有 12 个变量, 其 AIC 值为 -416.94. Efroymson 的贪婪逐步回归法 ([396]) 选取的模型有 9 个变量, 其 AIC 值为 -400.16. 然而, 此模型的设计原则与 AIC 稍有不同, 其目的在于寻找一个更节俭的模型. 用默认设置, 上述这些成熟算法找到的模型没有一个优于用简单随机初值的局部搜索法得到的模型. □

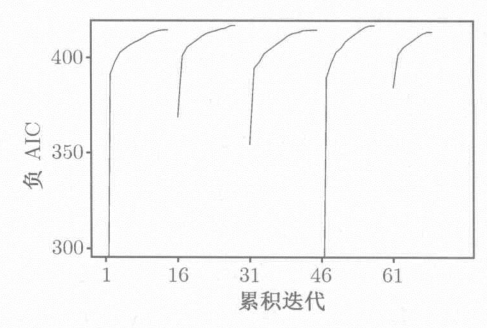


图 3.3 例 3.3 中用最速上升的随机初值局部搜索的结果, 且对于 5 个随机初值, 至多有 15 步迭代. 图中仅给出了介于 -300 和 -420 间的 AIC 值

表 3.2 例 3.3 的利用随机初值局部搜索模型进行选择的结果. 圆点表示每个所选模型中含有对应的变量, 其中所标识的模型见正文中的解释

方法	选入变量																					AIC
	1	2	3	6	7	8	9	10	12	13	14	15	16	18	19	20	21	22	24	25	26	
LS(2,4)		•	•	•		•		•		•	•	•	•						•	•	•	−416.95
S-Plus	•		•	•		•		•		•	•	•	•						•	•	•	−416.94
LS(1)			•	•		•		•	•	•	•					•	•	•				−414.60
LS(3)			•	•		•		•		•	•					•	•	•	•	•		−414.16
LS(5)			•			•	•	•		•	•				•	•	•	•				−413.52
Efroy.			•		•	•		•		•	•			•					•		•	−400.16

3.3 禁忌算法

禁忌算法是一种带有一组附加准则的局部搜索算法. 这些准则将指导我们在相信可以提升发现整体最大值的方向上选取移动. 此方法应用可变的邻域, 即在每次迭代中选取可接受移动的准则在变化. 关于禁忌算法的详细研究请见 [224, 225, 227, 228, 229].

由于标准的上升算法不允许向下移动, 故它有可能找到没有整体竞争力的局部最大值. 当在当前邻域中找不到上坡移动时, 禁忌搜索将允许向下移动 (其他情况也可能如此), 因此它有可能避开获得局部最大值. 当没有上坡移动时, 禁忌算法的早期形式, 可称为最速上升法/适度下降法, 将移动到不满意度最小的邻域 ([266]).

如果选取一步下坡, 则必须小心以保证下一步 (或将来的某步) 不是简单地逆转下坡移动. 这样的循环将消除下坡移动潜在的长期好处. 为防止这样的循环, 将基于此算法的最近历史记录, 暂时禁止或*禁忌* (tabu) 某些移动.

禁忌搜索法共把四种一般类型的准则加入了局部搜索. 第一种就是临时禁止某些潜在移动, 而其余的则包含对一个更好解的*渴望*(aspiration). 在解空间希望区域内搜索的*强化* (intensification) 以及搜索候选解的*多样性* (diversification), 从而可以在更广泛的范围内考察解空间. 在讨论完禁忌算法后我们再定义这些术语.

3.3.1 基本定义

禁忌搜索是一种迭代算法, 其在初始时刻 $t=0$ 时的候选解为 $\boldsymbol{\theta}^{(0)}$. 在第 t 步迭代, 一个新的候选解来自 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 的一个邻域, 记其为 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}$. 以 $H^{(t)}$ 表示此算法到时刻 t 时的历史记录. 由于仅某些形式的历史记录是此算法将来运算所需要的, 故 $H^{(t)}$ 是选择性的历史记录.

不像简单局部搜索法, 禁忌算法生成的当前候选解的邻域依赖于搜索的历史记录, 记其为 $\mathcal{N}(\boldsymbol{\theta}^{(t)}, H^{(t)})$. 另外, 在 $\mathcal{N}(\boldsymbol{\theta}^{(t)}, H^{(t)})$ 中确定最合适的 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}$ 可能不仅依赖于 f, 而且也依赖于搜索历史记录. 于是, 我们可以用一个扩展的目标函数 $f_{H^{(t)}}$ 来评价邻域.

由 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 到 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}$ 这一步可由多个*属性*(attribute)来刻画. 用来描述移动或移动类型的属性有: 在此算法未来迭代中的禁止、鼓励或不鼓励. 表 3.3 左边一列给出了属性的一些例子, 但它们不是禁忌算法所独有的. 实际上, 还可用它们刻画任一局部搜索算法的移动. 然而, 根据最近移动的属性, 禁忌搜索很清晰地适应当前的邻域.

可以通过一个回归模型的选择问题来说明表 3.3 中的属性. 假设在时刻 t 的模型中有第 i 个变量, 则令 $\theta_i^{(t)}=1$, 否则取 0. 假设所有模型均采用 2- 变化的邻域,

表 3.3 属性的例子. 左边一列给出了遗传背景下的例子, 右边一列给出了在回归模型选择问题中利用 2- 变化邻域的相关内容的属性

属 性	模型选择的例子
值 $\theta_i^{(t)}$ 的一个变化. 其属性可以是此值变化的起点, 也可以是此值变化后所取的值	A_1: 第 i 个变量是否被加入模型 (或从模型里去掉)
当 $\theta_i^{(t)} \neq \theta_j^{(t)}$ 时, 交换 $\theta_i^{(t)}$ 与 $\theta_j^{(t)}$ 的值	A_2: 没有入选的变量是否替换当前在模型中的变量
一步后 f 值的变化: $f(\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}) - f(\boldsymbol{\theta}^{(t)})$	A_3: 一步移动后 AIC 在减少
$g(\boldsymbol{\theta}^{(t+1)})$ 的值, 其中 g 是由其他策略选取的函数	A_4: 在新模型中变量的个数
一步后 g 值的变化: $g(\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}) - g(\boldsymbol{\theta}^{(t)})$	A_5: 对不同的变量选择准则的改变, 如 Mallows 的 C_p([369]) 或调整的 R^2([412])

即两个变量独立地加入当前模型或从当前模型中去掉. 对于在例 3.2 所讨论的回归模型选择问题, 我们在表 3.3 的右边一列给出了在 2- 变化邻域中所列的遗传属性的例子, 且它们分别以 A_1 至 A_5 表示. 其他一些有效属性可在给定的最优化问题中指出.

以 A_a 表示第 a 个属性. 注意到一个属性的补 (也即否定) 仍是一个属性, 故如果 A_a 对应着交换 $\theta_i^{(t)}$ 与 $\theta_j^{(t+1)}$ 这一属性, 则 $\overline{A}_a$ 对应着不交换这一属性.

随着算法的进行, 第 t 步移动的属性将随着 t 在变化, 并且候选解的质量也将变化. 可用过去的移动、目标函数值和他们属性的历史记录来指导未来的移动. 一个属性的*崭新度*(recency) 是指从最近具有此属性的某步到现在的步数. 如果第 a 个属性出现在产生 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 的移动, 则 $R(A_a, H^{(t)}) = 0$; 如果第 a 个属性最近出现在产生 $\boldsymbol{\theta}^{(t-1)}$ 的移动, 则 $R(A_a, H^{(t)}) = 1$, 以此类推.

3.3.2 禁忌表

当考虑来自 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 的移动时, 我们要计算目标函数在 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 的每一个邻域内的增量. 通常采用提供最大增量的邻域作为 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}$, 这即对应着最速上升算法.

然而, 如果在 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 的任一邻域内目标函数值均不增加时, 则通常选取 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}$ 为使减少量最小的邻域, 这即为适度下降法.

如果仅用这两个准则, 则算法将很快被捕获且收敛到一个局部最大值. 经一步适度下降后, 下一步将回到刚离开的山顶, 且接下来进行循环.

为避免这样的循环, 在算法中引进一个暂时限制移动的*禁忌表*(tabu list). 每次只要采取属性为 A_a 的移动, 就把 $\overline{A}_a$ 放入 τ 步迭代的禁忌表中. 只要 $R(A_a, H^{(t)})$ 等于 τ 时, 就终止此禁忌且把 $\overline{A}_a$ 从此禁忌表中除去. 于是, 在禁忌表中具有此属

性的移动被有效地从当前邻域中排除. 记修改后的邻域为

$$\mathcal{N}(\boldsymbol{\theta}^{(t)}, H^{(t)}) = \left\{\boldsymbol{\theta} : \boldsymbol{\theta} \in \mathcal{N}(\boldsymbol{\theta}^{(t)}) \text{ 且没有 } \boldsymbol{\theta} \text{ 的属性当前是被禁止的}\right\}. \tag{3.5}$$

这将预防取消 τ 步迭代的变化, 即阻止循环. 当此禁忌被终止时, 候选解将有足够的其他方面发生变化以至于颠倒移动不再起反作用. 注意, 禁忌列表是一个属性列表, 而非移动列表. 于是, 仅一个禁忌属性就可以禁止所有移动.

禁忌期限 τ 是一个属性被禁止的迭代数. 它可能是一个固定数, 也可能基于此属性特点而系统或随机地变化. 对于一个给定的问题, 为防止循环, 一个精心选取的禁忌期限应足够长, 但为防止候选解的退化, 它也应足够短 (当许多个移动被禁止时, 退化即出现). 对于多种类型的问题, 建议取固定的禁忌期限介于 7 与 20 之间或介于 $0.5\sqrt{p}$ 与 $2\sqrt{p}$ 之间, 其中 p 是此问题的大小 ([227]). 在许多问题中, 动态地改变禁忌期限更有效 ([229]). 另外, 对于不同属性, 应用不同期限经常是很重要的. 如果一个属性的禁忌是限制多种移动的, 则其对应的禁忌期限应短些以保证不限制将来的选取.

例 3.4 (遗传图, 续) 我们利用例 3.1 中的遗传图问题来说明禁忌的某些应用.

首先, 监控交换属性. 假设 A_a 是一交换属性. 它对应着染色体上两个特定位点的互换. 当移动 A_a 出现时, 它反对立即取消交换, 即把 $\overline{A}_a$ 放入禁忌列表. 搜索仅在不逆转当前交换的移动中进行. 这样的禁忌将通过避免很快回到最近搜索过的区域而提升搜索的多样性.

其次, 考虑识别位点标号 θ_j 的属性, 此位点满足 $\hat{d}(\theta_j, \theta_{j+1})$ 在新的一步移动中最小. 换句话说, 该属性将在此新染色体中确定两个最近的位点. 如果此属性的补在禁忌列表中, 则在 τ 步迭代中禁止移动到其他位点都接近的染色体. 这样的禁忌将在使 θ_j 和 θ_{j+1} 最接近的遗传图中提升搜索的强度.

有时在一个禁忌列表中交换属性本身而不是其补也是合理的. 例如, 以 $h(\boldsymbol{\theta})$ 表示一个顺序为 $\boldsymbol{\theta}$ 的染色体上相邻位点间 $\hat{d}(\theta_j, \theta_{j+1})$ 的平均值. 以属性 A_a 表示平均条件 MLE 图距离的过大改变, 即如果 $\left|h(\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}) - h(\boldsymbol{\theta}^{(t)})\right| > c$, 则 A_a 等于 1, 否则等于 0, 其中 c 为给定的阈值. 如果一个移动的平均改变大于 c, 则我们在 τ 步迭代的禁忌列表中可以替换 A_a 本身. 这将防止一段时间内任一剧烈的平均变化, 从而允许在移动到很远处之前更好地研究新近加入的解空间区域. □

3.3.3 吸气准则

有时, 由于禁止移动到附近候选解而不选择此移动可能是一个很差的决策. 在这种情况下, 我们需要一个不顾此禁忌列表的机制. 称这样的机制为*吸气准则*(aspiration criterion).

如果较以前迭代的目标函数值, 一个禁止移动能提供更大值, 则一个最简单且

最流行的吸气准就是允许此禁忌移动. 显然, 它仅关注到目前为止的最选解, 而不管它是否被禁止. 由此可以想象吸气准则的用武之地. 例如, 假设 $\boldsymbol{\theta}$ 的两个分量间的交换在禁忌列表中, 且当前每步迭代的候选解都渐渐远离在禁忌开始时所研究的解集空间域. 于是, 现在的搜索将在一个新的解集空间域内进行, 此时很有可能通过逆转禁忌交换而导致目标函数的激增.

另一个有趣的选择是*通过影响吸气*. 如果一个移动或属性与目标函数值大的改变相关联, 则称它是有影响的. 现有多种方法来实现这种想法 ([227]). 为避免各种具体问题的不必要细节, 对于导致 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 的一个移动, 我们简单地记第 a 个属性的影响为 $I(A_a, H^{(t)})$. 在许多组合问题中, 有许多邻近移动仅导致目标函数值很小的增加, 当然也有少数移动能导致较大的改变. 了解这些移动的属性将有助于指导搜索. 如果在低影响移动出现前已有一个高影响移动, 则通过影响吸气准则将会不顾及逆转一个低影响移动的禁忌. 这样做的理由是: 当前高影响移动可能把搜索转移到解空间的一个新区域, 而在此区域内进一步局部考察是益的. 低影响移动的逆转将可能不包括循环, 因为干预高影响移动可能将对部分解空间的详细考察推移到比低影响逆转所能达到的更远距离的地方.

也可以应用吸气准则来鼓励没有被禁止的移动. 例如, 当低影响移动提供给目标函数的改进可忽略时, 可降低它们的影响权重并优先考虑高影响移动. 现有多种方法可用来实现此想法: 一种方法就是在 $f_{H^{(t)}}$ 中加入一个依赖于候选移动相对影响的惩罚项或激励项.

3.3.4 多样化

一个属性的*频率*就是自搜索开始后所记录到的显示此属性的移动数. 令 $C(A_a, H^{(t)})$ 表示迄今为止第 a 个属性出现的次数. 于是, 可用 $F(A_a, H^{(t)})$ 表示惩罚那些频繁重复出现的移动的频率函数. 一个最直接的定义为 $F(A_a, H^{(t)})=C(A_a, H^{(t)})/t$, 其分母可用和、最大值或各种属性出现的平均次数来替代.

可用基于属性频率的准则来增加禁忌搜索期间被检查的候选解的多样性.

假设在整个历史过程或最近 ψ 步移动期间, 每个属性的频率都被记录到. 注意, 此频率可以是两种类型中的一个, 且它依赖于所考虑的属性. 如果一个属性对应着 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 的某一特征, 则其频率将度量此特征在搜索期间所考虑的候选解中被看到的频数. 称这样的频率为*滞留频率* (residence frequency). 另外, 如果一个属性对应着从一个候选解到另一个候选解这一移动期间的某一改变, 则称此频率为*转换频率* (transition frequency). 例如, 在例 3.2 中引入的回归模型选择问题中, 表示在模型中包含预测量 x_i 的属性即对应着滞留频率, 而表示一个减少 AIC 移动的属性则对应着转换频率.

如果属性 A_a 具有高滞留频率且最近 ψ 步移动的历史数据显示它几乎包含解

空间的最优区域, 则表明 A_a 可能和高质量解有关. 换句话说, 如果最近历史数据显示搜索是与解空间中很差解区域相粘接, 则一个高滞留频率可能建议此属性与一个不好的解相关联. 一般地, $\psi > \tau$ 是一个中期或长期的记忆参数, 它允许累积附加历史信息以使未来搜索更加多样性.

如果属性 A_a 具有高转换频率, 则此属性可能被称为填缝济 (crack filler). 在搜索中为了求得一个很好的解, 这样的属性会经常地被访问, 但很少提供根本的改进或改变 ([227]). 此时, 该属性的影响低.

一种研究增加搜索多样性频率的方法就是在 $f_{H^{(t)}}$ 中加入一个惩罚或激励函数. 文献 [447] 中建议选取

$$f_{H^{(t)}}(\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}) = \begin{cases} f(\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}), & \text{如果 } f(\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}) \geqslant f(\boldsymbol{\theta}^{(t)}), \\ f(\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}) - cF(A_a, H^{(t)}), & \text{如果 } f(\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}) < f(\boldsymbol{\theta}^{(t)}), \end{cases} \tag{3.6}$$

其中 $c > 0$. 如果所有没有被禁止的移动都走下坡路, 则此方法鼓励那些具有高频率属性 A_a 的移动. 可用类似的策略使上坡移动的选择变得更加多样.

除了在目标函数中加入惩罚或激励项外, 研究分级的禁忌状态也是可能的, 即一个属性可能仅部分被禁止. 建立分级变化的禁忌状态的一种方式是可利用概率禁忌决策：为一个属性分配一个被禁止的概率, 其中此概率要根据各种因子, 包括禁忌期限而调整 ([227]).

3.3.5 强化

在某些搜索中, 强化在解空间某特定区域的搜索可能是有益的, 也可利用频率以指导这样的强化. 假设把最近 ν 步移动的属性频率列成一个表, 且保留其对应的目标函数值. 通过检查这些数据, 可以识别一个好的候选解所具有的关键属性. 在 $f_{H^{(t)}}$ 中应奖赏保有这种特征的移动, 而远离这种特征的移动应得到惩罚. 时间跨度 $\nu > \tau$ 把长期记忆进行了参数化以强化在解空间有希望区域的搜索.

3.3.6 一种综合的禁忌算法

下面我们总结一种相当一般的具有如上所述诸多特征的禁忌算法. 在对指定问题的属性列表进行初始化及识别后, 此算法如下进行.

(1) 定义一个依赖于 f 的扩展目标函数 $f_{H^{(t)}}$, 它也可能依赖于

  (a) 基于频率的惩罚或激励以提升多样化;

  (b) 基于频率的惩罚或激励以提升强化;

(2) 确定 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 的邻域, 即 $\mathcal{N}(\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 的元素;

(3) 按照由 $f_{H^{(t)}}$ 计算而得的改进减少量, 求邻域的秩;

(4) 选取秩最大的邻域;

(5) 此邻域是否在当前的禁忌列表中？如果不在, 则转至第 8 步;

(6) 此邻域是否通过一个吸气准则? 如果通过, 则转至第 8 步;

(7) 如果 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 的所有邻域都考虑过了, 且没有一个被所采用作为 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}$, 则停止. 否则, 选择秩次最高的邻域且转至第 5 步;

(8) 采用此解作为 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}$;

(9) 通过建立基于当前移动的新禁忌或通过删除过期的禁忌来更新禁忌列表;

(10) 符合一个停止准则吗? 如果符合, 则停止, 否则, 增加 t 并转至第 1 步.

当迭代次数达到一个最大值时, 一个明智的选择就是停止迭代, 且把得到的最好候选解作为最终解. 可以把搜索资源分解成若干个以便在初值为随机的集合中分别进行搜索, 而不必把全部资源都集中在对一个单一初值的搜索中. 如从马氏链角度分析禁忌搜索, 则可能会得到此方法的极限收敛的结果 ([167]).

例 3.5 (棒球运动员薪水, 续) 在例 3.3 中一个简单禁忌搜索被用来解决回归模拟棒球数据的变量选择问题. 属性仅显示模型是否包含所考查的预测变量. 对于 $\tau=5$ 的禁忌是由逆转预测变量进入或退出的移动决定的, 且从随机初值开始此算法仅运行 75 步. 如果另一个禁忌移动的目标函数值大于以前最好的值, 则吸气准则允许它移动.

图 3.4 给出了由此禁忌搜索得到的候选解序列的 AIC 值. AIC 值很快地得到了改进, 且最优值 -416.95 由包括预测变量 2, 3, 6, 8, 10, 13, 14, 15, 16, 24, 25 和 26 的模型在如下两种情况得到: 44 次迭代与 66 次迭代. 此结果与应用随机初值局部搜索法得到的最优模型相同 (表 3.2). □

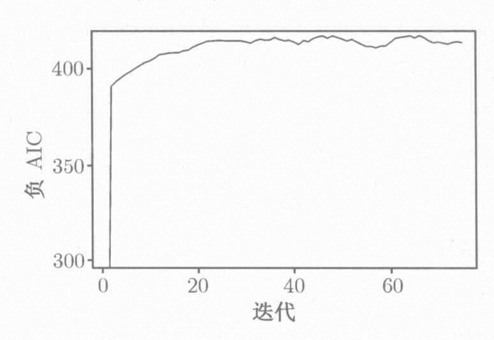


图 3.4 例 3.5 的禁忌搜索结果

3.4 模拟退火

由于模拟退火的一般性以及其最简单形式易于实现, 它在组合优化中是一种很流行的方法. 另外, 其极限行为也得到了很好的研究. 然而, 其极限行为在实际中不易实现, 且其收敛速度可能相当慢. 为充分地改进其表现, 需要进行复杂深奥的修

补. 关于模拟退火的有用综述请参见 [69, 543].

退火是将一个固体加热后再慢慢冷却的过程. 当一个固体在一定压力下被加热时, 其内部能量在增加且分子随机运动. 随后, 如果此固体被慢慢冷却, 则其热能一般均慢慢地减少, 但有时也以 Boltzmann 概率随机地增加, 即在温度 τ, 能量增加幅度为 ΔE 的概率密度为 $\exp\{-\Delta E/k\tau\}$, 其中 k 是 Boltzmann 常数. 如果冷却相当慢且降温足够大, 则最终状态是无压力下的, 且所有分子都按最小势能形式排列.

为与上述物理过程的动机相一致, 本节将提出一个求最小值的优化问题：在 $\boldsymbol{\theta} \in \boldsymbol{\Theta}$ 内求 $f(\boldsymbol{\theta})$ 的最小值. 于是, 可用类似于上述物理冷却过程来求解一个组合优化问题 ([111, 330]). 对于模拟退火算法, $\boldsymbol{\theta}$ 对应着材料的状态, $f(\boldsymbol{\theta})$ 对应着其能量水平, 最优解对应着具有最小能量的 $\boldsymbol{\theta}$. 当前状态间的随机转换, 即由 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 到 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}$ 的移动由上述给出的 Boltzmann 分布决定, 而此分布依赖于称为温度的参数. 当温度高时, 更可能接受上坡移动, 即向更高能量的状态移动, 这将阻止算法收敛到已经找到的第一个局部最小值. 如果没有适当选取所考察的候选解空间, 则此局部最小值可能是早期不成熟的. 随着搜索的继续, 温度在降低. 由于仅有少数上坡移动被允许, 故它将愈加强迫搜索集中在当前的局部最小值. 如果适当确定冷却进度 (cooling schedule), 则算法就很有希望收敛到整体最小值.

模拟退火算法是一个迭代算法, 时刻 $t=0$ 的初值为 $\boldsymbol{\theta}^{(0)}$, 温度为 τ_0. 用 t 表示迭代, 此算法在几个阶段内运行, 且阶段标号为 $j=0,1,2,\cdots$, 而每一个阶段均含有多步迭代. 第 j 个阶段的长度为 m_j. 每次迭代如下进行：

(1) 在 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 的邻域 $\mathcal{N}(\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 内, 根据提案密度 $g^{(t)}(\cdot|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 选取候选解 $\boldsymbol{\theta}^*$;

(2) 随机决定是否采用 $\boldsymbol{\theta}^*$ 作为下一个候选解或还是仍用当前解. 特别地, 以概率

$$\min\left(1, \exp\left\{[f(\boldsymbol{\theta}^{(t)}) - f(\boldsymbol{\theta}^*)]/\tau_j\right\}\right)$$

取 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)} = \boldsymbol{\theta}^*$, 否则令 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)} = \boldsymbol{\theta}^{(t)}$;

(3) 重复第 1, 2 步 m_j 次;

(4) 增加 j 且更新 $\tau_j = \alpha(\tau_{j-1}), m_j = \beta(m_{j-1})$, 并转至第 1 步.

如果根据总迭代次数的限制或事先给定的 τ_j 和 m_j, 此算法不能停止, 则人们可以用绝对或相对收敛准则来控制它 (见第 2 章). 然而, 停止准则多由最小温度来表示. 算法停止后, 所求得的最优候选解即是估计的最小值.

函数 α 应使温度慢慢递减至 0. 在每个温度 m_j 中的迭代次数应较大且关于 j 单增. 理想的函数 β 应使 m_j 为 p 的指数, 但在实际中为达到容许的计算速度进行某些折中是必要的.

尽管当一个候选解优于当前解时它总被采用, 但注意当它不好时, 它也有一定的概率被采用. 在这种意义下, 模拟退火算法是一种随机的下降算法. 此随机性将

使模拟退火算法有时能逃脱一个没有竞争力的局部极小值.

3.4.1 几个实际问题

1. *邻域和提案密度*

选取邻域的策略可随指定问题在变化, 但最好的邻域一般都小且易于计算.

考虑旅行商问题. 把城市标号为 $1, 2, \cdots, p$, 任一次旅行 $\boldsymbol{\theta}$ 就表示这些整数间的一个排列. 所有城市都以这种顺序被连接起来, 而最终访问的城市和旅行开始时出发城市间的连接为另一种额外连接. 可以通过去掉两个不相邻连接且重接此次旅行来生成 $\boldsymbol{\theta}$ 的一个邻域. 此时, 通过重接来得到正确旅行的方式仅有一种: 旅行中的一段是可颠倒的. 如旅行 '143256' 就是旅行 '123456' 的一个邻域. 由于两个连接被改变, 故生成这样邻域的过程就是一个 2- 变化, 它生成了一个 2- 邻域. 任一个旅行都有 $p(p-3)/2$ 个唯一的 2- 变化邻域不同于 $\boldsymbol{\theta}$ 本身. 此邻域比完全解空间中的 $(p-1)!/2$ 个旅行要小许多.

选取邻域结构的最关键一点就是允许在 $\boldsymbol{\Theta}$ 中的所有解都能*沟通* (communicate). 为了使 $\boldsymbol{\theta}_i$ 与 $\boldsymbol{\theta}_j$ 沟通, 就必须找到一个有限解序列 $\boldsymbol{\theta}_1, \cdots, \boldsymbol{\theta}_k$, 使得 $\boldsymbol{\theta}_1 \in \mathcal{N}(\boldsymbol{\theta}_i), \boldsymbol{\theta}_2 \in \mathcal{N}(\boldsymbol{\theta}_1), \cdots, \boldsymbol{\theta}_k \in \mathcal{N}(\boldsymbol{\theta}_{k-1})$ 和 $\boldsymbol{\theta}_j \in \mathcal{N}(\boldsymbol{\theta}_k)$. 对于旅行商问题, 上面提到的 2- 邻域允许 $\boldsymbol{\theta}_i$ 和 $\boldsymbol{\theta}_j$ 间的沟通.

最常用的提案密度$g^{(t)}(\cdot|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 是离散均匀, 此时的候选解为来自 $\mathcal{N}(\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 的完全随机样本. 这样的选取对计算速度和简单化有好处. 另外, 也有许多其他更好的方法 ([246, 247, 560]).

快速更新目标函数是加速模拟退火运行速度的最重要策略. 在旅行商问题中, 2- 邻域的随机抽样等价于从当前旅行排列中选取两个整数. 对于旅行商问题也要注意到, 当 $f(\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 已求得时, 在 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 的 2- 邻域中可以有效地算得 $f(\boldsymbol{\theta}^*)$, 此时, 新旅行长度等于原旅行长度减去两个间断连接间的旅行距离, 再加上两个新连接间旅行的距离. 其计算时间不依赖于问题大小 p.

2. *冷却进度与收敛*

阶段长度和温度的序列称为*冷却进度*. 理想的冷却进度应比较慢.

模拟退火的极限行为来自第 1 章介绍的马氏链理论. 可以把模拟退火看成为生成一列齐次马氏链 (每个温度一列) 或一个非齐次马氏链 (温度在转换间递减). 尽管这种看法将导致定义极限行为方法的不同, 但二者的结论均为: 所得到的极限分布的支撑集仅在整体极小值集合上.

为理解冷却为什么可以导致算法收敛到渴望的整体极小值, 首先考虑固定温度为 τ, 且进一步假设对于 $\boldsymbol{\Theta}$ 中的任一对解 $\boldsymbol{\theta}_i$ 和 $\boldsymbol{\theta}_j$, $\boldsymbol{\theta}_i$ 来自 $\mathcal{N}(\boldsymbol{\theta}_j)$ 的概率与 $\boldsymbol{\theta}_j$ 来自 $\mathcal{N}(\boldsymbol{\theta}_i)$ 的概率相同. 此时, 由模拟退火生成的序列 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 就是一个平稳分布为

$\pi_\tau(\boldsymbol{\theta}) \propto \exp\{-f(\boldsymbol{\theta})/\tau\}$ 的马氏链. 这就是说, $\lim_{t\to\infty} P[\boldsymbol{\theta}^{(t)} = \boldsymbol{\theta}] = \pi_\tau(\boldsymbol{\theta})$. 产生随机数序列的这种方法称为Metropolis 算法, 我们将在 7.1 节讨论它.

在温度减小之前, 我们通常都将在此固定温度上运行此链很长时间以使马氏链接近其平稳分布.

假设共有 M 个整体最小值且记此解集为 $\mathcal{M}$, f 在 $\boldsymbol{\Theta}$ 上的最小值为 $f_{\min}$, 则对于固定的 τ, 此链的平稳分布为

$$\pi_\tau(\boldsymbol{\theta}_i) = \frac{\exp\{-[f(\boldsymbol{\theta}_i) - f_{\min}]/\tau\}}{M + \sum_{j\in\overline{\mathcal{M}}} \exp\{-[f(\boldsymbol{\theta}_j) - f_{\min}]/\tau\}}, \ \forall\, \boldsymbol{\theta}_i \in \boldsymbol{\Theta}. \tag{3.7}$$

由于当 $\tau \to 0$ 时, 如果 $i \in \overline{\mathcal{M}}$, 则 $\exp\{-[f(\boldsymbol{\theta}_i) - f_{\min}]/\tau\}$ 的极限为 0; 否则为 1. 这样,

$$\lim_{\tau\downarrow 0} \pi_\tau(\boldsymbol{\theta}_i) = \begin{cases} 1/M, & \text{如果 } i \in \mathcal{M}, \\ 0, & \text{否则}. \end{cases} \tag{3.8}$$

上述结论的数学证明见 [61, 543].

另外, 也可能把冷却进度与最终解的质量范围联系起来. 如果人们希望任一次迭代的平均结果与整体最小值的差超过 ϵ 的概率不大于 δ, 则冷却应一直到 $\tau_j \leqslant \epsilon/\log\{(N-1)/\delta\}$, 其中 N 是 $\boldsymbol{\Theta}$ 中点的个数 ([364]). 换句话说, 这样的 τ_j 将保证最终平衡态的马氏链结构满足

$$P\left[f(\boldsymbol{\theta}^{(t)}) > f_{\min} + \epsilon\right] < \delta.$$

Hajek 证明: 如果邻域互通且最深的局部最小值 (非整体最小值) 的深度是 c, 则由 $\tau = c/\log\{1+i\}$ 给定的冷却进度将保证渐近收敛, 其中 i 表示迭代 ([255]). 定义一个局部最小值的深度为目标函数的最小增加量, 此增加量能使移动逃脱此局部最小值而进入另一最小值流域. 然而, 为以高概率发现 $\mathcal{M}$ 中至少一个元素所需迭代次数的数学范围往往超出 $\boldsymbol{\Theta}$ 本身的大小. 此时, 模拟退火不可能比穷举搜索更快地求得整体最小值 ([28]).

如果人们希望在降低温度前的每一个温度点上, 由模拟退火产生的马氏链近似其平稳分布, 则理想的运行长度应至少为解空间大小的二次函数 ([1]), 而解空间大小本身多是问题大小的指数. 显然, 如果要求模拟退火的迭代次数少于穷举搜索的话, 则必须选取短得多的长度.

在实际中, 人们尝试过许多冷却进度 ([543]). 回想一下在第 j 阶段的温度是 $\tau_j = \alpha(\tau_{j-1})$, 第 j 阶段的迭代次数是 $m_j = \beta(m_{j-1})$. 一种常用的方法是对所有的 j, 取 $m_j = 1$, 且根据 $\alpha(\tau_{j-1}) = \frac{\tau_{j-1}}{1+a\tau_{j-1}}$ 较慢地降低温度, 其中 a 是一个小量. 第二种选择是取 $\alpha(\tau_{j-1}) = a\tau_{j-1}$, 其中 $a < 1$(一般地, $a \geqslant 0.9$). 此时, 人们可以在降低温度时增加阶段长度. 例如, 考虑 $\beta(m_{j-1}) = bm_{j-1}(b > 1)$ 或 $\beta(m_{j-1}) = b + m_{j-1}(b > 0)$.

第三种进度取 $\alpha(\tau_{j-1})=\frac{\tau_{j-1}}{1+\tau_{j-1}\log\{1+r\}/(3s_{\tau_{j-1}})}$, 其中 $s^2_{\tau_{j-1}}$ 是当前温度的平均目标函数损失减去当前温度的均方损失的平方, r 是一个小的实数 ([1]). 实际中很少应用 Hajek 建议的温度进度, 因为其计算速度慢且 c 的确定比较困难 (关于 c 的过大的猜测将进一步降低算法速度).

多数实际工作者都要求通过多次试验以求取合适的初始参数值 (如 τ_0 和 m_0) 和所用的进度值 (如 a, b 和 r). 虽然初始温度 τ_0 的选取常常依赖于研究的问题, 但我们给出如下的一般指导方针. 有用的策略是选取一个正数 τ_0 使得对于 $\boldsymbol{\Theta}$ 中的任一对解 $\boldsymbol{\theta}_i$ 和 $\boldsymbol{\theta}_j$, $\exp\{[f(\boldsymbol{\theta}_i)-f(\boldsymbol{\theta}_j)]/\tau_o\}$ 接近于 1. 这样选取的合理性在于: 在算法迭代早期, 以一定合理的机会访问解空间中的任一点. 类似地, 大的 m_j 可得到更精确的解, 但会引起较长的计算时间. 作为一般经验, 大的温度降低将增长降温后的运算时间. 最后, 大量证据建议长时间在高温度下运行模拟退火是非常不必要的. 在许多问题中, 局部最小值间的屏障是相当适度的, 以至于用很低的温度就可以跃过这些屏障. 于是, 一个好的冷却进度首先就要快速降低其温度.

例 3.6 (棒球运动员薪水, 续)　为应用模拟退火对例 3.3 中引进的棒球运动员薪水的回归问题中通过 AIC 进行变量选择, 我们必须确定一个邻域结构、提案密度和温度进度. 通过对当前模型加入一个或删除一个预测值而生成的 1- 变化邻域是最简单的邻域. 我们给邻域中每一个候选解指定相同的概率. 冷却进度有 15 个阶段: 前 5 个阶段的长度为 60, 中间 5 个阶段的长度为 120, 最后 5 个阶段的长度为 220. 每一阶段后, 温度按照 $\alpha(\tau_{j-1})=0.9\tau_{j-1}$ 递减.

图 3.5 给出了针对两个不同的 τ_0 由模拟退火产生的候选解的 AIC 值. 最下边的曲线对应着 $\tau_0=1$. 此时, 因为低温给予上坡移动以较小的容忍, 故模拟退火将在不同时期固定在不同的特定候选解上. 图中显示, 此算法很快找到一个 AIC 很小的好的候选解, 且经常固定在此. 然而, 在其他情况下 (如对于多峰的目标函数), 这样的固定将导致算法落入远离整体最小值的一个区域. 在第二个运行中 $\tau_0=10$(上面的实线), 它混合了许多个上坡移动. 点线及右侧的纵坐标对应着 $\tau_0=1$ 的温

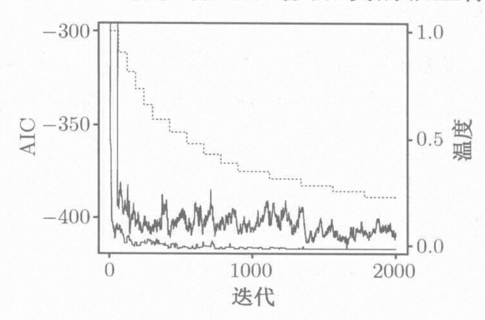


图 3.5　对于例 3.6 中的回归模型, 利用两个模拟退火方法求取 AIC 最小值的结果. 最下面曲线的温度由点线及右边的纵坐标给出

度进度. 对于较高温度, 两次运算均展示出较大的混合. 当 $\tau_0 = 1$ 时, 最优模型首先在第 1 419 步找到并且控制着以后的模型. 此模型的 AIC 值为 −416.95, 且与在表 3.2 中随机初值的局部搜索法的最优模型相匹配. 当 $\tau_0 = 10$ 时, 最优模型的 AIC 值为 −416.94, 且由 S-Plus 方法得到的与之匹配的模型见表 3.2. 此模型仅在第 1 718 步移动得到. □

3.4.2 强化

关于模拟退火方法, 现有多种改进其表现的变更. 大致对应于基本算法中的某些步骤, 我们在此罗列几个想法.

一个启动模拟退火最简单的方法就是在任何地方都启动一次. 研究多个随机初值的策略将有双重好处: 一是可能找到一个更好的候选解, 二是确认收敛到一个已经找到的特定最优值. 可用分层初值集来替代纯粹随机初值, 且在选取初值时先做策略上的预处理以便比简单随机初值法取得最小值的可能性更大. 如果这种策略有用的话, 则它定有高付出, 如模拟退火算法的收敛速度一般较慢. 在某些情况下, 从运行时间的长短上看, 由多个不同随机初值而导致的额外迭代仍可能优于应用较长阶段和较慢冷却进度的单一运行.

解空间 $\boldsymbol{\Theta}$ 可能包括关于 $\boldsymbol{\theta}$ 的约束. 例如, 在例 3.1 中引进的遗传图问题中, 当有 p 个标号时, $\boldsymbol{\theta}$ 必须是整数 $1, 2, \cdots, p$ 的一个排列. 当生成邻域的过程得到一个违反这些约束的解时, 就需要消耗更多时间以修复候选解或重新从 $\mathcal{N}(\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 中抽样直至求得正确的候选解. 另一种方法是放松这些约束, 并且把惩罚引入 f 以惩罚无效解. 这样的话, 算法能够阻止访问无效解且没有花费大量时间在强迫执行这些约束上.

在基本算法中, 邻域的定义是静态的且提案分布与迭代无关. 在每一次迭代中, 对邻域进行自适应限制有时能改进此算法. 例如, 为避免生成许多无用的相隔很远的候选解, 让邻域的大小随着时间的增加而缩短是有益的, 且这些候选解很可能在低温下被拒绝. 换句话说, 当用惩罚来替换约束时, 它可利于邻域仅包含那些能降低或消除在当前 $\boldsymbol{\theta}$ 中约束的解.

如果能很快地求得 f 在新候选解处的值则会很方便. 我们在前面已经提过, 有时能通过邻域的定义实现这一点, 就如在旅行商问题中, 一个 2- 邻域策略有利于 f 的简便更新. 对于给定的问题, 经常对 f 做简单的近似. 不止一位作者建议监测最近的迭代且在 f 中引入惩罚项以阻止再访问那些刚访问过的状态 ([176]).

下面考虑 3.4 节中标准模拟退火算法第二步的接受概率. 表达式 $\exp\{[f(\boldsymbol{\theta}^{(t)}) - f(\boldsymbol{\theta}^*)]/\tau_j\}$ 来自统计热力学中的 Boltzmann 分布. 不过, 也可以应用其他分布. 由关于 Boltzmann 分布的 Taylor 线性展开知, 可用 $\min\left\{1, 1 + \left([f(\boldsymbol{\theta}^{(t)}) - f(\boldsymbol{\theta}^*)]/\tau_j\right)\right\}$ 作为接受概率 ([309]). 当为避免过小的移动而鼓励远离局部最小值的中等移动时,

在某些问题中 ([146]) 建议取接受概率为

$$\min\left\{1, \exp\left\{\left[c + f(\boldsymbol{\theta}^{(t)}) - f(\boldsymbol{\theta}^*)\right]/\tau_j\right\}\right\},$$

其中 $c > 0$.

一般地, 只要包括有用的温度范围且温度在此范围内以大致相同的速度来回移动, 而在每一个温度 (特别是低温) 处都花费足够的时间, 则没有证据表明冷却进度形状 (线性, 多项式, 指数) 有很大的影响 ([146]). 那些允许零星的、系统的或交互式的增加温度以防止固定在低温处局部最小值的再加热方法可能很有效 ([146, 226, 330]).

当完成模拟退火后, 人们可以取出一次或多次运行的一个最终结果, 之后应用下降算法对它进行加工打磨. 事实上, 人们可以用相同的方式再加工某特定场合得到的结果, 而不必一直等到模拟退火算法结束.

3.5 遗传算法

退火并不是唯一的用比喻来解决优化问题而成功开发的自然过程. *遗传算法* (Genetic algorithm) 就模仿了达尔文的自然选择过程. 一个极大化问题的候选解被看成是一个用遗传密码表示的生物有机体. 一个生物体的适宜度 (fitness) 类似于候选解的质量. 在高适宜度生物体间的培育可为后代得到渴望的属性提供更高的机会, 而在低适宜度 (且少有遗传突变) 生物体间的培育将保证种群的多样性. 随时间的推移, 种群中的生物体可能随着进化而增加适宜度, 因此, 可为优化问题提供一组越来越好的候选解. 遗传算法的开创性工作由 Holland 给出 ([291]), 其他有益的参考文献包括 [15, 119, 175, 231, 395, 448, 450, 562].

现在我们回到最大值优化问题的标准描述上, 在此我们要寻找 $f(\boldsymbol{\theta})$ 关于 $\boldsymbol{\theta} \in \boldsymbol{\Theta}$ 中的最大值. 在遗传算法的多个统计应用中, f 多是联合对数偏似然函数.

3.5.1 定义和典则算法

1. *基本定义*

在前面的例 3.1 中已引入了某些遗传学术语, 本节我们再给出一些进一步研究遗传算法所需要的其他术语.

在一个遗传算法中, 每个候选解对应着一个*个体* (individual) 或*生物体*(organism), 且每个生物体完全由其遗传密码决定, 所有生物体均假设有一个*染色体*(chromosome). 一个染色体是一个 C 个符号的序列, 其中每一个均为事先确定的字母表中的一个. 最基本的字母表是一个二元表 $\{0, 1\}$, 此时一个长度 $C = 9$ 的染色体可能为 ‘100110001’. 染色体中的 C 个元素就是*基因* (gene). 可存储在一个

基因中的值 (即字母表中的元素) 就是*等位基因*(allele). 一个基因在染色体中的位置就是*位点* (locus).

编码在个体染色体内的信息就是它的*基因型* (genetype). 我们以 $\boldsymbol{\vartheta}$ 表示一个染色体或它的基因型. 基因型在生物体中的表达式本身就是它的*显型* (phenotype). 对于优化问题, 显型是候选解, 而基本因是编码: 每个基因型 $\boldsymbol{\vartheta}$ 利用选定的位点字母对显型 $\boldsymbol{\theta}$ 进行编码.

遗传算法是一种迭代算法, 以 t 表示其迭代. 不像本章前面讨论的方法, 遗传算法同时跟踪多个候选解. 假设第 t 代有 P 个生物体, $\boldsymbol{\vartheta}_1^{(t)}, \cdots, \boldsymbol{\vartheta}_P^{(t)}$, 则在第 t 代大小为 P 的种群对应着一个候选解集 $\boldsymbol{\theta}_1^{(t)}, \cdots, \boldsymbol{\theta}_P^{(t)}$.

达尔文自然选择偏爱那些具有高*适宜度*的生物体. 一个生物体 $\boldsymbol{\vartheta}_i^{(t)}$ 的适宜度依赖于其相应的 $f(\boldsymbol{\theta}_i^{(t)})$. 一个高质量的候选解具有大的目标函数值和高的适宜度. 随着世代繁衍, 如果精心选取父代, 则培育后的生物体将从其父代那里遗传少量具有高适宜度的遗传密码. 一个*子代* (offspring) 就是一个新的生物体, 它属于第 $(t+1)$ 代而用来替代第 t 代的某一个. 子代的染色体由父代属于第 t 代的两个染色体所决定.

下面以带有 9 个预测变量的回归模型选择问题来说明上述某些概念, 且假设在任一模型中均有截距项. 则任一模型中的基因型可以写成一个长度为 9 的染色体. 例如, 染色体 $\boldsymbol{\vartheta}_i^{(t)}$=‘100110001’ 就是一个基因型, 它对应着仅包含截距项和预测变量 1, 4, 5, 9 等几个参数的模型.

另一个基因型是 $\boldsymbol{\vartheta}_j^{(t)}$=‘110100110’. 注意到 $\boldsymbol{\vartheta}_i^{(t)}$ 与 $\boldsymbol{\vartheta}_j^{(j)}$ 有几个基因相同. 基因的任一子集就是一个*模式* (schema). 在这个例子中, 上述两个染色体共享模式 ‘1*01*****’, 其中 ‘*’ 是一个通配符: 它表示可忽略在此位点的等位基因. (这两个染色体也共享模式 ‘**01*****’, ‘1*01*0***’ 及其他.) 模式的重要性在于将一定的父代信息编码后作为一个单位传递给子代. 如果一个模式与一个具有大的目标函数值的显型特征相关联, 则此模式在后代个体中的遗传将提升最优化.

2. *选择机制与遗传算子*

培育将导致多个基因改变. *选择机制*就是选择用来产生子代的父代的一个过程. 一个最简单的方法就是以一个正比例于适宜度的概率选择一个父代, 而完全随机地选择另一个父代. 另一方法则是以正比例于适宜度的概率随机地选择每一个父代. 某些最常用的选择机制将在 3.5.2 节第 2 部分讨论.

当为进行培育而从第 t 代中选取两个父代后, 以某一方式合成它们的染色体以使来自每一父代的模式遗传给子代, 这些子代即为第 $t+1$ 代的一部分. 由选定父代染色体得到子代染色体的方法就称为*遗传算子* (genetic operator).

一个基本的遗传算子就是*交叉互换*(crossover). 一个最简单的交叉互换方法就

是在两个相邻位点间选择一个随机位置并且在此位置分开两个父代染色体. 把来自一个父代的左染色体片段与来自另一个父代右染色体片段相黏合以合成一个子代染色体. 也可黏合剩下的两个片段以合成第二个子代或把它们丢弃. 例如, 假设两个父代是 '100110001' 和 '110100110'. 如果随机分裂点介于第三个与第四个位点, 则 '100100110' 与 '110110001' 均是潜在的子代. 注意到在这个例子中, 两个子代均遗传模式 '1*01******'. 交叉互换是遗传算法的关键就是它允许两个候选解好的特征相互结合. 某些更复杂的交叉互换算子将在 3.5.2 节第 3 部分讨论.

突变 (mutation) 是另一个重要的遗传算子. 突变通过在某些位点随机引进一个或多个在任一个父代染色体相应位点均没有出现的等位基因而改变子代的染色体. 例如, 如果由上面的两个父代通过交叉互换得到 '100100110', 则一序列突变后可能得到 '101100110'. 注意到在两个父代中, 其第三个基因都是 0, 则交叉互换仅能保证仍保留模式 '**0******'. 然而, 突变能提供避开此限制的一种方法, 由此也能提升搜索的多样性, 并提供避开局部最大值的一种方法.

突变多应用在培育之后. 在一个最简单的突变过程中, 每个基因都独立地以概率 μ 发生突变, 且完全随机地从遗传字母表中选取一个新的等位基因. 如果 μ 太小, 则将错过许多好的潜在创新; 如果 μ 太大, 则随着时间的推移, 此算法的学习能力将降低, 这是因为过多的随机波动将扰乱父代适宜度的选择和渴望模式的遗传.

总之, 遗传算法通过生成子代个体来延续, 其如下产生第 $t+1$ 代. 首先, 把第 t 代个体排序且依适宜度选取个体. 对这些选取的个体应用交叉互换和突变以产生第 $t+1$ 代. 图 3.6 是一个产生有四个子代个体的简单例子, 其中每个个体有三个染色体且染色体是二元编码的. 在第 t 代, 个体 '110' 的适宜度最高且在选择阶段被选定两次. 在交叉互换阶段, 把所选的个体结成对子且重组每一对以生成两个新个体. 在突变阶段, 应用低突变率. 在这个例子中突变仅出现一次. 完成这些步骤就得到了新的后代.

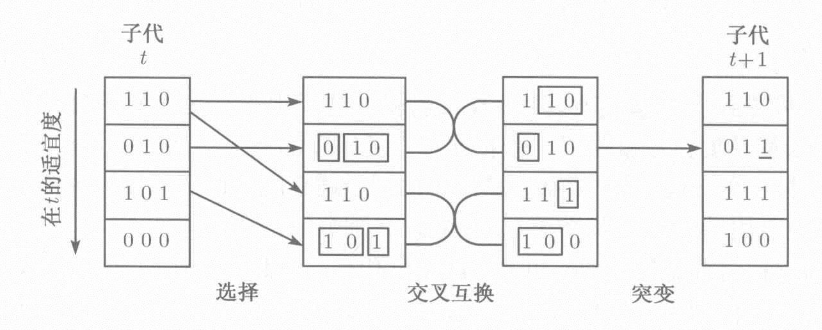


图 3.6　对于一个染色体长度 $C=3$, 大小 $P=4$ 的种群, 用遗传算法产生子代的例子. 对在方框部分的染色体进行交叉互换. 最后一列带有下划线的基因表示突变

例 3.7 (棒球运动员薪水, 续) 图 3.7 给出了在例 3.3 引进的棒球运动员数据中应用简单遗传算法进行变量选择的图例. 应用大小 $P=20$ 的 100 个子代, 对每个可能的预测量, 如利用二元等位基因: 进入 - 删除, 则染色体的长度 $C=27$. 第一代完全由随机选定的个体组成. 应用基于秩的适宜度函数, 见下面的方程 (3.11). 用正比例于此适宜度的概率选取一个父代, 而另一个父代完全独立地随机决定. 应用简单的交叉互换进行培育. 在每一个位点的随机突变率为 1% 且相互独立.

图 3.7 中的横坐标对应着子代, 每一代 20 个个体的 AIC 都画在图上. 所求得的最佳模型包含预测量 2, 3, 6, 8, 10, 13, 14, 15, 16, 24, 25 和 26, 其 AIC 值为 -416.95, 它与用随机初值的局部搜索法得到的最佳模型相匹配 (表 3.2). 此图明确地说明了达尔文的适者生存: 20 个随机选定的第一代个体很快就凝聚成三个有效亚种, 它们中的最优者将慢慢地绝对超越其他的. 最优模型首次在第 87 代求得. □

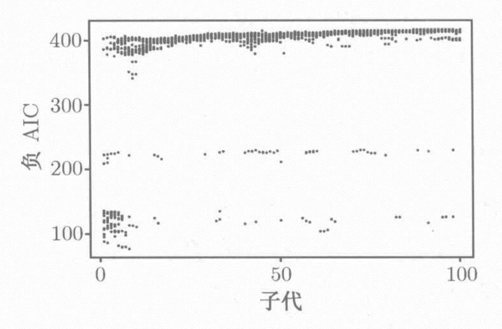


图 3.7 例 3.7 的遗传算法结果

3. 等位基因字母表和基因型表示

对于等位基因的二元字母表是 Holland 在其开创性工作 ([291]) 中提出的, 并且在最近的研究中非常流行. 如用二元染色体, 则比用其他选择更容易理解此算法的理论结果、各种遗传算子的相对表现和算法的其他变化等.

对于许多优化问题, 有可能构造解的二元编码. 例如, 考虑单变量函数 $f(\theta)=100-(\theta-4)^2$ 在区域 $\theta\in[1,12.999]=[a_1,a_2]$ 中的优化问题. 假设我们把 $[a_1,a_2]$ 中的一个数表示成

$$a_1+\left(\frac{a_2-a_1}{2^d-1}\right)\text{decimal}(b), \tag{3.9}$$

其中 b 是一个 d 个数字的二进制数, 函数 decimal() 把 2 进制数转化成 10 进制数. 如果要求精度有 c 个小数位, 则选取的 d 必须满足

$$(a_2-a_1)10^c\leqslant 2^d-1. \tag{3.10}$$

对于本例, 为达到 3 个小数位的精度, 要应用 14 位二进制数, 且由方程 (3.9) 知, 对应着 $\theta=4.000$ 的 b 为 ‘01000000000000’.

在某些情况下, 例如回归模型选择问题, 一个二元编码的染色体可能是很自然的. 然而, 在其他情况下, 就如上面所进行的, 编码看起来像是强迫的. 对于 $f(\theta)=100-(\theta-4)^2$, 染色体 $\vartheta=$'01000000000000'($\theta=4.000$) 是最优的. 然而, 某些从遗传上看接近这个的染色体, 如 '10000000000000'($\theta=7.000$) 和 '00000000000000'($\theta=1.000$), 其显型就不接近 $\theta=4.000$. 换句话说, 尽管基因型 '00111111111111' 与 '01000000000000' 非常不同, 但其显型非常接近 4.000. 基因型很类似的染色体可能具有非常不同的显型. 这样, 一个小的突变就可能移至一个完全不同的解空间, 一个交叉互换产生的子代的基因型可能与任一个父代都有很少的相似之处. 为解决这一难题, 可能需要不同的编码方案或修改遗传算子 (见 3.5.2 节第 3 部分).

另一个重要的二元表示就是大小为 p 的置换问题, 它类似于旅行商问题. 对于这样的问题, 一个自然的染色体就是整数 $1,2,\cdots,p$ 的一个置换, 如 $p=9$ 时的 $\vartheta=$'752631948'. 因为这样的染色体必须服从每一个整数严格地出现在一个位点上的要求, 故将要求对标准的遗传算子做某些改变. 处理置换染色体的策略将在 3.5.2 节第 3 部分讨论.

4. 初始化, 终止和参数值

遗传算法的初始化一般均通过完全随机地从个体中选取第一代而实现.

子代大小 P 影响算法速度、收敛行为和算法解的质量. 如果可能, 就要取尽量大的 P, 因为它能提供更丰富的用以生成子代的遗传集合, 并由此能丰富搜索和预防过早的收敛. 对于染色体的二元编码, 人们建议取 P 满足 $C\leqslant P\leqslant 2C$, 其中 C 是染色体长度 ([8]). 对于置换染色体, 有人建议其范围为 $2C\leqslant P\leqslant 20C$([293]). 在许多实际应用中, 种群大小多在 10 与 200 之间 ([477]), 尽管经验研究表明 P 可能如 30 一样小 ([448]).

突变率一般很低, 多在 1% 左右. 理论与经验研究均建议取 $1/C$([395]), 另一研究建议此比率应正比例于 $1/(P\sqrt{C})$([482]). 尽管如此, 人们经常选取与 P 和 C 无关的固定比率.

遗传算法的终止准则多是被选来限制计算时间的一个最大的迭代次数. 另一个考虑停止的准则也可以选为: 如当前子代染色体中遗传多样性已经很低时 ([15]).

3.5.2 变化

本节将综述一下多个可能改进算法表现的方面, 它们包括适宜度函数、选择机制、遗传算子和基本算法的其他方面.

1. 适宜度

在典则的遗传算法中, 经常取生物体显型的目标函数值为其适宜度, 或许要用当前这一代的平均目标函数值进行刻度调整. 仅取适宜度等于目标函数值 $f(\theta)$ 是

很有吸引力的, 由于最适宜的个体就对应着极大似然解. 然而, 直接取生物体的适宜度为其对应显型的目标函数值多是很幼稚的, 这是由于其他选取会得到更好的优化表现. 取而代之, 以 $\phi(\boldsymbol{\vartheta})$ 记一个**适宜度函数**的值, 用它来描述一个染色体的适宜度. 适宜度函数将依赖于目标函数 f, 但并不等于它. 通过开发由此而增加的灵活性可以提高搜索的效力.

在遗传算法的多个应用中都有一个问题：它收敛到一个不好的局部最优值的速度非常快. 当几个非常不好的个体支配培育且它们的后代充满随后的子代时, 可能会出现这种情况. 此时, 每一个随后的子代都包含着遗传上很类似的个体, 而这些个体缺乏遗传的多样性, 但这些多样性是产生能代表其他后代和产生解空间的有益区域所必须的. 如果初始化后就出现这种情况, 此时几乎所有个体都有很低的适宜度, 则这个问题是很棘手的. 此时, 比其余更适宜的少数几条染色体将把算法引入一个不喜欢的局部极大值. 这个问题类似于前面算法陷入一个没有竞争力的局部极大值附近, 这也是本章前面所讨论的其他搜索方法所共同关注的.

由于遗传算法收敛到一个很好最优解的速度可能非常慢, 故小心选择的压力必须均衡. 因此, 遗传算法很重要的一点就在于要保持稳定的压力以不让少数几个个体把算法引向过早的收敛. 为此, 可以通过设计适宜度函数以减少 f 大的波动的影响.

一个通用的方法是忽略 $f(\boldsymbol{\theta}_i^{(t)})$ 的值而仅用它们的秩 ([16, 449, 561]). 例如, 人们可采用

$$\phi(\boldsymbol{\vartheta}_i^{(t)}) = \frac{2r_i}{P(P+1)}, \tag{3.11}$$

其中 r_i 是 $f(\boldsymbol{\theta}_i^{(t)})$ 关于后代 t 的秩. 此策略选择对应着中等质量候选解染色体的概率为 $1/P$, 而选择其他染色体的概率大概为此中等质量解的二倍, 即 $2/(P+1)$. 基于秩的方法吸引人的原因在于它保留了任一成功遗传算法的关键特征：基于相对适宜度进行选择, 且预防过早的收敛和由 f 的实际形式而引起的其他困难 (f 的形式有时很任意)([561]). 另外, 还有一些不太通用的包括刻度和变换的适宜度函数, 见 [231].

2. 选择机制和更新后代

在前面的 3.5.1.2 节, 我们仅提到过以适宜度为基础的选取父代的简单方法. 用基于适宜度的秩选取父代比应用正比例于适宜度的概率的选取方法要通用的多.

另一个通用的方法是**比赛选择**(tournament selection)([179, 232, 233]). 在此方法中, 先把第 t 代的染色体随机分成 k 个不相交的大小一样的子集 (也许要暂时忽略少数几个剩余染色体), 选择每一组内最好的个体作为父代. 继续进行下一步的随机分组直到生成足够的父代. 为了培育再把父代随机配对. 这种方法保证最好的个体将培育 P 次, 中等质量的个体将平均培育一次, 而最差的个体根本不会培育. 三

种选择方法: 比例选择、基于秩的选择和比赛选择在选择压力时, 其顺序是递增的. 只要可以避免过早地陷入局部最优解, 高压力一般均与优良的表现相关联, ([15]).

可以部分更新种群. *代沟* (generation gap)G 是指后代被它生成的子代所替换的比例 ([126]). 于是, $G = 1$ 就对应着一个有完全不同的、不相重叠的后代的标准遗传算法. 另一个极端, $G = 1/P$ 就对应着一次仅更新一个子代. 此时, 一个*稳定态* (steady-state) 遗传算法一次产生一个用以替换最差适宜度 (或某一个随机的较差相对适宜度) 的子代 ([562]). 相对于标准方法, 这种过程将展现出更大的波动和较大的选择压力.

当 $G < 1$ 时, 用有些违背达尔文类推的选择机制有时可以提升算法的表现. 例如, 一个*杰出*(elitist) 策略将严格在下一代中拷贝当前最适宜的个体, 由此保证当前最优解的生存 ([126]). 当 $G = 1/P$ 时, 每一个子代都将替换一个从低于平均适宜度的染色体集合中随机选取的染色体 ([5]).

确定性的选择策略被用来消除抽样的波动性 ([17, 395]). 我们没有看到消除在选择机制中固有的随机性所令人信服的必要性.

当在生成或更新一个种群时, 是否允许在种群中复制个体是一个重要的考虑. 个体的复制将消耗许多计算资源, 并且它有可能歪曲父代选择准则 (由于它将导致被复制的染色体产生子代的机会更多)([119]).

3. 遗传算子和置换染色体

为增加遗传混合, 可以多选择几个交叉互换点. 如果选择两个交叉互换点, 则它们间的基因序列可以在父代间交换以生成子代. 这样的多点交叉互换可改进算法的表现 ([48, 163]).

现有多种把父代基因转移给子代的其他方法. 例如, 每个子代基因都用从父代相应位置的等位基因中随机选择的一个等位基因所填充. 此时, 父代的相邻基因的起点可以是独立的 ([4, 527]), 也可以是相关的 ([509]), 其相关长度控制着哪一个子代类似一个父代的程度.

在某些问题中, 不同的等位基因字母表也许是合理的. 有人建议用多于两个元素的等位基因字母表 ([12, 119, 442]). 对某些问题, 采用一个浮点字母表的遗传算法优于采用二元字母表的遗传算法 ([119, 303, 394]). 一种被称为凌乱的遗传算法就采用编码长度可变的遗传算子以适应变化的长度 ([234, 235, 236]). Gray 编码是另一种编码方法, 它对有限个最优值的实值目标函数特别有用 ([563]).

当采用非二元等位基因字母表时, 对遗传算法其他方面的修改, 特别是遗传算子的修改常是必须且有效的. 当应用置换染色体时, 这种修改最有效. 回顾一下在 3.5.1 节引入的关于置换优化问题的特别的染色体编码. 对于这类问题 (如旅行商问题), 自然的想法就是把一个染色体写成整数 $1, 2, \cdots, n$ 的一个置换. 然后, 就需

要一个新的遗传算子以保证每一代均仅包含正确的置换染色体.

例如, 设 $p = 9$ 且考虑交叉互换算子. 假设两个父代染色体为 '752631948' 和 '912386754', 且交叉互换点位于第二个与第三个位点之间, 则标准的交叉互换将产生 '752386754' 和 '912631948' 两个子代. 这两个都不是有效的置换染色体, 这是因为二者均包含某些复制的等位基因.

一种补救就是*有序的交叉互换*(order crossover)([528]). 随机选定一个位点集, 然后, 把出现在一个父代这些位点上等位基因的顺序强加给在另一位父代的相同等位基因以生成一个子代. 交换两个父代的角色以生成第二个子代. 此算子尊重等位基因的相对位置. 例如, 考虑两个父代 '752631948' 和 '912386754', 且假设随机选定第四个、第六个和第七个位点. 在第一个父代中, 这些位点上的等位基因是 6, 1 和 9. 我们必须在第二个父代中按照上述顺序重新安排等位基因 6, 1 和 9. 在第二个父代中其余的等位基因是 '∗∗238∗754', 以上述顺序插入 6, 1 和 9 后得到子代 '612389754'. 交换两个父代的角色就得到了第二个子代 '352671948'.

现已提出多个用来置换染色体的交叉互换算子 ([116, 117, 119, 237, 395, 421, 499]), 多数均聚集考虑个体基因的位置. 然而, 对于旅行商之类的问题, 这样的算子具有一种不希望看到的趋势, 即它将破坏父代旅行城市间的连接. 我们希望候选解直接是这些连接的函数. 破坏连接是有效制造突变的一个非刻意的来源. 有人提出利用*边缘重组的交叉互换* (edge-recombination crossover) 以生成仅包含至少在一个父代中连接的子代 ([564, 565]).

我们利用旅行商问题来解释边缘重组交叉互换, 此算子遵循如下步骤.

(1) 首先构造一个边缘表以存储任一父代进入或离开每一个城市的连接. 对于上述两个父代 '752631948' 和 '912386754', 在表 3.4 的最左侧一列给出了相应结果. 注意到, 每一父代进入或离开每个城市的连接数将总保持在 2~4 之间. 另外, 注意到旅行要回到其出发的城市, 于是, 第一个父代把 7 看作来自 8 的连接而列出.

(2) 为生成一个子代, 我们在两个父代的出发城市间进行选择. 对于此例, 在城市 7 与城市 9 间进行选择. 如果两个父代的出发城市有着相同的连接个数, 则选择是随机的. 否则, 选择具有较少连接的父代的出发城市. 对于此例, 选择 '9∗∗∗∗∗∗∗∗'.

(3) 现在必须从等位基因 9 向前连接. 由边缘表的最左侧一列我们发现, 等位基因 9 有两个连接: 1 和 4. 我们希望在具有最少连接的城市间进行选择. 为此, 首先通过删除等位基因 9 来更新边缘表, 由此得到表 3.4 的中间部分. 由于城市 1 和城市 4 都有两个剩余的连接, 故我们在 1 和 4 间随机选择. 如果选择是 4, 则更新子代为 '94∗∗∗∗∗∗∗'.

(4) 可能与城市 4 的连接有两个: 城市 5 和城市 8. 更新后的边缘表为表 3.4 的最右侧一列, 由此我们发现城市 5 的剩余连接最少, 于是, 我们选择城市 5. 现在得到的部分子代为 '945∗∗∗∗∗∗'.

继续此过程, 经下列几步：选择 7; 选择 8; 选择 6; 自城市 2 和城市 3 中随机选择 3; 自城市 1 和城市 2 中随机选择 1; 选择 2, 则可得到子代 ‘945786312’.

注意到在每一步中均选择连接最少的城市. 作为替代, 如果完全随机地选择连接, 则选择左侧城市的可能性大, 由此导致边缘不连续. 由于旅行是环形的, 故对具有较少连接城市的偏好并不会引起子代的任何偏差.

表 3.4 对于边缘重组的交叉互换, 其前三步的边缘表给出了连接到或来自每个父代中每个等位基因的城市. 每一列就是每一步得到的子代染色体

步骤 1		步骤 2		步骤 3	
城市	连接	城市	连接	城市	连接
1	3, 9, 2	1	3, 2	1	3, 2
2	5, 6, 1, 3	2	5, 6, 1, 3	2	5, 6, 1, 3
3	6, 1, 2, 8	3	6, 1, 2, 8	3	6, 1, 2, 8
4	9, 8, 5	4	8, 5	4	使用
5	7, 2, 4	5	7, 2, 4	5	7, 2
6	2, 3, 8, 7	6	2, 3, 8, 7	6	2, 3, 8, 7
7	8, 5, 6	7	8, 5, 6	7	8, 5, 6
8	4, 7, 3, 6	8	4, 7, 3, 6	8	7, 3, 6
9	1, 4	9	使用	9	使用
‘9********’		‘94*******’		‘945******’	

在某些问题中, 另一个**边缘组合**(edge assembly) 策略是非常有效的 ([407]).

置换染色体的突变并不如交叉互换那么困难. 一个简单的突变算子就是在染色体中随机地变换两个基因 ([448]). 另外, 也可以随机置换在一个染色体的一个短的随机片段中的元素 ([119]).

3.5.3 初始化和参数值

尽管传统的遗传算法纯粹由随机个体组成的一代开始, 但为了改进随机初值的表现, 现已有多个用来构造具有更好的或变化多样的适宜度个体的启发式方法 ([119, 448]).

我们并不要求随后各子代的大小相同. 在一个遗传算法的早期后代中, 种群适宜度经常能得到很快的改进. 为避免过早的收敛和提升搜索多样性, 在算法早期, 经常希望应用较大的子代大小 P. 然而, 如果 P 固定在一个太大值, 则对于实际应用而言, 整个算法可能相当慢. 一旦算法向最优值迈出重要的一步, 则重要改进的移动多经常来自高质量的个体; 而低质量个体被愈加边缘化. 因此, 建议 P 随着迭代的继续而逐步降低 ([577]). 然而, 为了降低收敛速度, 一个更通用且有效的方法是应用基于秩的选择机制.

应用反比例于种群多样性的变化突变率也是很有用的 ([448]). 它将刺激提升

搜索的多样性而减少后代的多样性. 从鼓励搜索多样性角度看, 现已提出多种方法, 它们允许遗传算法的突变概率、交叉互换和其他参数随着时间的变化而自适应地改变 ([48, 118, 119, 395]).

3.5.4 收敛

遗传算法的收敛性质已超出了本章的范围, 但某些重要想法还是值得一提的.

关于遗传算法之所以有效的早期分析结果都是基于模式这一概念而展开的 ([231, 291]), 并且它们所讨论的都是具有如下特点的典则遗传算法：二元染色体编码、选择每一个父代的概率正比例于适宜度、每次均应用简单的交叉互换且把父代配对、每个基因的突变是随机的, 突变概率为 μ 且相互独立. 在上述条件下, *模式定理*给出了在 $t+1$ 代一个模式的期望次数的下界, 如果它在第 t 代也成立的话.

模式定理证明, 如果在第 t 代中包含某模式的染色体的平均适宜度大于此代中所有染色体的平均适宜度, 则一个短的低阶模式 (即附近仅有少数几个等位基因) 有利于提高此模式在下一代中的重现. 为了具有相同的期望, 一个较长的且/或更复杂的模式将要求更高的相对适宜度. 倡导模式定理的学者认为, 算法收敛到一个好的整体候选解的原因为遗传算法能同时将多个短的低阶的具有潜在高适宜度的模式并列在一起, 因此它能提升有利模式的传播.

最近, 关于模式定理和基于它的收敛主张的争议越来越大. 传统上强调一个模式传播给下一代的次数和包含在此模式内的染色体平均适宜度是有些误导的. 传播包含此模式的特定染色体很重要. 此外, 模式定理过分强调了模式的重要性, 事实上, 它适应于 $\boldsymbol{\Theta}$ 的任一子集. 最后, 现已充分地注意到遗传算法的成功是由于它不明确地同时分配搜索资源给按照模式定义的 $\boldsymbol{\Theta}$ 的区域 ([549]). Vose ([548]) 给出了关于遗传算法数学理论的权威叙述, [175, 450] 也包括一些有益的处理.

问　　题

在 3.3 节引入的棒球数据可见本书的主页. 问题 3.1~3.4 研究各种算法设置参数的含义. 本着试验、尝试确定可能观测到不同兴趣点的设置的精神来解决这些问题. 增加上述用过的运行长度以适应所用计算机的速度, 并且限制每次运行中计算目标函数的总次数为一个固定数以公平地比较各种算法和设置的差异. 总结你的比较和结论. 用图补充说明你建议的关键点.

3.1 用随机初值的局部搜索算法求 AIC 最小的棒球动员薪水回归模型, 并在例 3.3 之后模拟你的算法.

(a) 通过立刻采取第一次随机选取的下坡邻域来改变最速上升法的移动策略.

(b) 改变算法以研究 2- 邻域法且与以前运行结果进行比较.

3.2 用禁忌算法求 AIC 最小的棒球动员薪水回归模型, 并在例 3.5 之后模拟你的算法.

(a) 比较用不同禁忌期限表的影响.

(b) 监控从当前移动到下一步的 AIC 的变化. 定义一个新属性为 AIC 改变超过某一值时的信号. 把此属性加入禁忌列表以提升搜索多样性.

(c) 如果一个高影响移动优于逆转, 则不顾逆转一个低影响移动的禁忌而运行影响吸气算法. 影响以 R^2 的变化来度量.

3.3 用模拟退火算法求 AIC 最小的棒球动员薪水回归模型, 并在例 3.6 模拟你的算法.

(a) 比较不同冷却进度表的影响 (不同温度和在每一温度的持续时间也不同).

(b) 比较提案密度为在 2- 邻域内与 3- 邻域内离散均匀的影响.

3.4 用遗传算法求 AIC 最小的棒球动员薪水回归模型, 并在例 3.7 模拟你的算法.

(a) 比较应用不同突变度的影响.

(b) 比较应用不同后代大小的影响.

(c) 不用例 3.7 中的选择机制, 尝试如下三个机制:

i. 以正比例于适宜度的概率独立地选择一个父代, 而另一个完全随机.

ii. 以正比例于适宜度的概率独立地选择每一个父代, 且

iii. 以 $P/5$ 层或自己喜欢的层数比赛选择.

为运行上述方法中的某一种方法, 你可能需要对适宜度函数进行刻度变换. 例如, 考虑如下的刻度调整后的适宜度函数 π:

$$\phi(\boldsymbol{\vartheta}_i^{(t)}) = af(\boldsymbol{\theta}_i^{(t)}) + b, \tag{3.12}$$

$$\phi(\boldsymbol{\vartheta}_i^{(t)}) = f(\boldsymbol{\theta}_i^{(t)}) - (\bar{f} - zs), \tag{3.13}$$

$$\phi(\boldsymbol{\vartheta}_i^{(t)}) = f(\boldsymbol{\theta}_i^{(t)})^v, \tag{3.14}$$

其中 a, b 满足: 平均适宜度等于平均目标函数值且最大适宜度比平均适宜度 $\bar{f}$ 大 c 倍 (c 自己选定), s 是没有刻度调整的目标函数在当前后代中的标准差, 一般在 1 和 3 之间选取 z, v 是比 1 稍大的数. 有时某些刻度调整会使 $\boldsymbol{\vartheta}_i^{(t)}$ 为负. 此时, 我们可以应用变换

$$\phi_{new}(\boldsymbol{\vartheta}_i^{(t)}) = \begin{cases} \phi(\boldsymbol{\vartheta}_i^{(t)}) + d^{(t)}, & \text{若 } \phi(\boldsymbol{\vartheta}_i^{(t)}) + d^{(t)} > 0, \\ 0, & \text{否则}, \end{cases} \tag{3.15}$$

其中 $d^{(t)}$ 是第 t 代或最近 k 代 (k 为给定的一个数) 或所有后代中最差染色体的适宜度的绝对值. 上述每种刻度调整方法都具有消除 f 波动的能力, 因此它们都保留代内的多样性和增加求得整体最优值的潜在能力.

比较并评论你所选方法的结果.

(d) 应用代沟 $G = 1$ 的稳定态遗传算法, 并与有完全不同的、不相重叠后代的标准遗传算法相比较.

(e) 运行如下的被称为*均匀交叉互换方法* ([527]): 子代每一位点的等位基因都独立且完全随机地来自父代相同位点的等位基因.

3.5 考虑在例 3.1 中引进的遗传图例子. 图 3.8 给出了 100 个模拟的长度为 12 的染色体序列数据. 左侧图给出的是真实遗传图顺序的数据, 而右侧图是分析者不知图顺序的实际数据. 上述数据可在本书主页上找到.

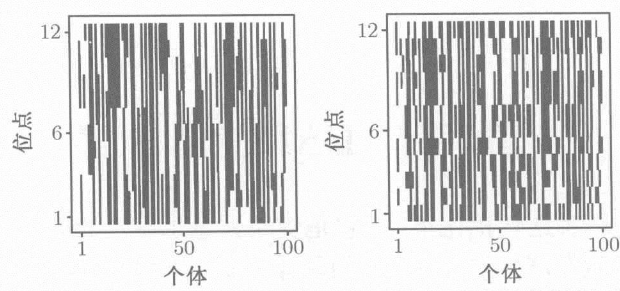


图 3.8　问题 3.5 的染色体. 在 12 个位点模拟的 100 个个体的数据. 类似于在例 3.1 中的图 3.1, 对于每一个位点, 来自杂合父代的源染色体被编码成白色或黑色. 左侧图的数据是按照真实位点顺序安排的, 而右侧图的数据是按照数据收集期间所记录到的位点标号安排的

(a) 应用随机初值的局部搜索法估计遗传图 (即顺序与遗传距离). 假设邻域包含 20 个顺序, 而这些顺序通过随机交换两个等位基因的位置而不同于当前顺序. 移动是朝向邻域中最好候选解的, 故采取的是随机下降法. 从少数几个有限长度的初值开始, 考评问题的计算难度, 然后在计算量的合理范围内记录你得到的最优结果. 评价你得到的结果、算法的表现, 并给出改进搜索的想法. (提示: 注意到无论从哪头读, $(\theta_{j_1},\theta_{j_2},\cdots,\theta_{j_{12}})$ 与 $(\theta_{j_{12}},\theta_{j_{11}},\cdots,\theta_{j_1})$ 均表示相同的染色体.)

(b) 应用快速下降的随机初值局部搜索算法估计遗传图. 评价你的结果和此算法的表现. 此问题的计算量很大, 可能需要一台快速的计算机.

3.6 考虑问题 3.5 所描述的遗传图数据.

(a) 应用一种遗传算法估计遗传图 (即顺序和遗传距离). 应用有序交叉互换方法. 从少量运行次数开始, 考评此问题的计算难度, 然后在计算量的合理范围内记录每次运行的结果. 评价你的结果、算法的表现, 并给出改进搜索的想法.

(b) 比较由有序交叉互换和边缘重组交叉互换策略得到的适宜度改进的速度.

(c) 对这些数据, 尝试应用其他启发式的搜索方法. 描述此算法的过程、速度和结果.

3.7 本书主页还包括遗传图问题的第二个人造数据. 此数据有 30 个染色体. 对这些数据尝试应用一种或两种启发式搜索方法. 描述此算法的过程、结果和你所遇到的任何问题的性质. 此数据集也给出了用来模拟此数据的真实顺序. 尽管真实顺序可能不是 MLE, 但你得到的最好顺序与真实顺序该如何接近? 而此问题比上一个问题大多少呢?

3.8 对来自意大利三个区域的 178 种葡萄酒中的每一种测量其 13 种化学成分 ([47]). 本书主页给出了这些数据. 应用本章的一种或几种启发式的搜索方法, 把这些酒按照组内总平方和最小分成三组. 评价你的工作和结果. 这是一个大小为 3^p 的搜索问题, 其中 $p=178$. 如果你有权使用标准的聚类分析程序, 利用类似于 Hartigan 和 Wong([276]) 的标准方法, 检验你的结果.

第 4 章　EM 优化方法

EM 算法是一种迭代优化策略, 它是受缺失思想以及考虑给定已知项下缺失项的条件分布而激发产生的. 该策略的统计基础和在多种统计问题中的有效性在 Dempster, Laird 和 Rubin 的研究论文 [130] 中给出了说明. 关于 EM 和相关方法的其他参考文献包括 [349, 354, 380, 387, 530]. EM 算法的普及源自于它能非常简单地执行并且能通过稳定、上升的步骤非常可靠地找到全局最优值.

在频率论者的框架中, 我们可以想象由随机变量 $\boldsymbol{X}$ 生成的观测数据连同来自随机变量 $\boldsymbol{Z}$ 的缺失或未观测数据. 我们预想由 $\boldsymbol{Y}=(\boldsymbol{X},\boldsymbol{Z})$ 产生的完全数据. 给定观测数据 $\boldsymbol{x}$, 我们希望最大化某似然函数 $L(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})$. 通常采用该似然函数会难以处理, 而采用 $\boldsymbol{Y}|\boldsymbol{\theta}$ 和 $\boldsymbol{Z}|(\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta})$ 的密度则较容易处理. EM 算法通过采用这些较容易的密度避开了直接考虑 $L(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})$.

在 Bayes 的应用中, 兴趣通常集中在对某后验分布 $f(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})$ 的众数的估计上. 另外, 优化有时可以通过考虑除感兴趣的参数 $\boldsymbol{\theta}$ 之外的未观测随机变量 $\boldsymbol{\psi}$ 而得到简化.

缺失数据可能不是真的缺少了: 它们可能仅是简化问题所采取的策略. 在这种情形, $\boldsymbol{Z}$ 通常称为*潜数据*. 优化有时可以通过引入这个新要素到问题中而得到简化, 这可能看起来是违反直觉的. 然而, 本章中的例子和参考文献说明了该方法潜在的好处. 在某些情形, 分析者必须利用他的创造力和智慧来虚构有效的潜变量; 在其他情形, 有自然的选择.

4.1　缺失数据、边际化和符号

无论考虑 $\boldsymbol{Z}$ 为潜在的还是缺失的, 它可以看作是通过对某种多到少映射 $\boldsymbol{X}=M(\boldsymbol{Y})$ 的应用, 从完整的 $\boldsymbol{Y}$ 中被删除掉了. 设 $f_{\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{x}|\boldsymbol{\theta})$ 和 $f_{\boldsymbol{Y}}(\boldsymbol{y}|\boldsymbol{\theta})$ 分别表示观测数据和完全数据的密度. 潜在或缺失数据的假设等同一个边际化模型, 在该模型中我们观测到 $\boldsymbol{X}$ 有密度 $f_{\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{x}|\boldsymbol{\theta})=\int_{\{\boldsymbol{y}:M(\boldsymbol{y})=\boldsymbol{x}\}} f_{\boldsymbol{Y}}(\boldsymbol{y}|\boldsymbol{\theta})\mathrm{d}\boldsymbol{y}$. 注意到给定观测数据下缺失数据的条件密度为 $f_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{z}|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta})=f_{\boldsymbol{Y}}(\boldsymbol{y}|\boldsymbol{\theta})/f_{\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{x}|\boldsymbol{\theta})$.

在关注于兴趣参数 $\boldsymbol{\theta}$ 的后验密度的 Bayes 应用中, 有两种方式, 通过这两种方式我们可以考虑用后验来表示一个更宽泛问题的边际化. 第一, 把似然函数 $L(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})$ 看作完全数据似然函数 $L(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{y})=L(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x},\boldsymbol{z})$ 的一个边际化是明智的. 在这种情形缺

失数据是 $\boldsymbol{z}$, 且我们采用与上面相同的一类符号. 第二, 我们可以考虑有缺失参数 $\boldsymbol{\psi}$, 即使 $\boldsymbol{\psi}$ 本身并无意义, 它的引入简化了 Bayes 计算. 幸运的是, 在 Bayes 模式下, 这两种情形并没有实际区别. 因为 $\boldsymbol{Z}$ 和 $\boldsymbol{\psi}$ 均为缺失的随机变量, 我们用缺失变量的符号来表示未观测的数据还是参数无关紧要. 在采用频率论者符号的情形, 读者可以把似然函数和 $\boldsymbol{Z}$ 分别用后验和 $\boldsymbol{\psi}$ 来代替, 以考虑 Bayes 的观点.

在关于 EM 的文献中, 与我们的用法相比较, 传统上采用颠倒 $\boldsymbol{X}$ 和 $\boldsymbol{Y}$ 角色的符号. 我们脱离传统, 在本书的其他各处用 $\boldsymbol{X}=\boldsymbol{x}$ 来表示观测数据.

4.2 EM 算 法

EM 算法迭代寻求关于 $\boldsymbol{\theta}$ 最大化 $L(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})$. 设 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 表示在迭代 t 时估计的最大值点, $t=0,1,\cdots$. 定义 $Q(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 为观测数据 $\boldsymbol{X}=\boldsymbol{x}$ 条件下完全数据的联合对数似然的期望. 即,

$$\begin{aligned} Q(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)}) &= \mathrm{E}\{\log L(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{Y})|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta}^{(t)}\} && (4.1)\\ &= \mathrm{E}\{\log f_{\boldsymbol{Y}}(\boldsymbol{y}|\boldsymbol{\theta})|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta}^{(t)}\} && (4.2)\\ &= \int [\log f_{\boldsymbol{Y}}(\boldsymbol{y}|\boldsymbol{\theta})] f_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{z}|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta}^{(t)})\mathrm{d}\boldsymbol{z}, && (4.3)\end{aligned}$$

其中 (4.3) 强调一旦我们给定 $\boldsymbol{X}=\boldsymbol{x}$, $\boldsymbol{Z}$ 就是 $\boldsymbol{Y}$ 的唯一的随机部分.

EM 从 $\boldsymbol{\theta}^{(0)}$ 开始, 然后在两步之间交替: E 表示期望, M 表示最大化. 该算法概括如下.

(1) **E 步**: 计算 $Q(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$.

(2) **M 步**: 关于 $\boldsymbol{\theta}$ 最大化 $Q(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$. 设 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}$ 等于 Q 的最大值点.

(3) 返回 E 步, 直到满足某停止规则为止.

优化问题的停止规则在第 2 章中讨论过. 在目前的情形, 这样的规则通常依赖于 $(\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}-\boldsymbol{\theta}^{(t)})^{\mathrm{T}}(\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}-\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 或 $|Q(\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})-Q(\boldsymbol{\theta}^{(t)}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})|$.

例 4.1 (简单的指数密度) 为理解 EM 的符号, 考虑一个普通的例子, 其中 $Y_1,Y_2\sim$ i.i.d. $\mathrm{Exp}(\theta)$. 假定 $y_1=5$ 是观测到的, 但 y_2 的值是缺失的. 完全数据对数似然函数为 $\log L(\theta|\boldsymbol{y})=\log f_{\boldsymbol{Y}}(\boldsymbol{y}|\theta)=2\log\{\theta\}-\theta y_1-\theta y_2$. 取 $\log L(\theta|\boldsymbol{Y})$ 的条件期望得到 $Q(\theta|\theta^{(t)})=2\log\{\theta\}-5\theta-\theta/\theta^{(t)}$, 因为由独立性得 $\mathrm{E}\{Y_2|y_1,\theta^{(t)}\}=\mathrm{E}\{Y_2|\theta^{(t)}\}=1/\theta^{(t)}$. 容易发现 $Q(\theta|\theta^{(t)})$ 关于 θ 的最大值点是 $2/\theta-5-1/\theta^{(t)}=0$ 的根. 对 θ 求解得到更新方程 $\theta^{(t+1)}=\frac{2\theta^{(t)}}{5\theta^{(t)}+1}$. 注意到这儿 E 步和 M 步不需要在每次迭代时重新导出: 由某初始值开始对更新公式的反复应用可给出收敛到 $\hat{\theta}=0.2$ 估计.

这个例子不是实际的. θ 来自观测值的极大似然估计可以由初等分析方法确定, 不用依靠像 EM 这样的任何花式的数值优化策略. 更重要地, 我们将会认识到

求得所需期望在实际应用中是骗人的, 因为我们需要知道给定缺失数据下完全数据的条件分布. □

例 4.2 (椒花蛾)　椒花蛾 (peppered moth), 又叫*桦尺蛾* (Biston betularia), 给出了一个进化和工业污染的生动故事 [242]. 这些蛾子的色彩确信由某单个基因决定, 该基因具有三个可能的等位基因, 我们记为 C, I 和 T. 三者之中, C 对 I 是显性的, 而 T 对 I 是隐性的. 因此基因型 CC, CI 和 CT 导致*黑化* (carbonaria) 表型, 它呈现纯黑色. 基因型 TT 导致*典型* (typica) 表型, 它呈现浅色图案的翅膀. 基因型 II 和 IT 产生一个称作*岛屿* (insularia) 的中间表型, 它在外观上变化很广泛, 但通常以中间色彩杂色而成. 这样, 有六种可能的基因型, 但只有三种基因型在田间工作中是可测的.

在英国和北美, 受烧煤工业影响的地区内*黑化*表型几乎代替了浅色表型. 等位基因频率在种群内的这种变化被引用为在人类社会可以观测到微进化的一个例子. (被试验支持的) 理论是" 鸟类对于在不同反射的背景下明显不同的蛾体捕食程度不同" 导致了在时间和地区上对*黑化*表型有利的选择, 在这些地区煤烟的、污染的条件减弱了蛾栖息的树皮表面的反射 [242]. 当改善的环境标准减少了污染时, 浅色表型的流行增加, *黑化*型的流行骤降, 这并不让人感到奇怪.

因此, 有必要监控等位基因 C, I 和 T 随时间变动的频率以对微进化过程提供见解. 此外, 这些频率中的趋势也为监控空气质量提供了一个有趣的生物学标志. 在某足够短的时间段内, 等位基因频率的一个近似模型可以由 Hardy–Weinberg 法则建立. 该法则指出在 Hardy–Weinberg 平衡下的某种群里每个基因型的频率应该等于相应的等位基因频率的乘积, 或者当两个等位基因不同时两倍于该乘积 (以说明在亲代来源上的不确定性)[14, 275]. 这样, 如果种群中等位基因的频率为 p_{C}, p_{I} 和 p_{T}, 那么基因型 CC, CI, CT, II, IT 和 TT 的频率应分别为 p_{C}^2, $2p_{\mathrm{C}}p_{\mathrm{I}}$, $2p_{\mathrm{C}}p_{\mathrm{T}}$, p_{I}^2, $2p_{\mathrm{I}}p_{\mathrm{T}}$ 和 p_{T}^2. 注意到 $p_{\mathrm{C}}+p_{\mathrm{I}}+p_{\mathrm{T}}=1$.

假定我们捕获到 n 只蛾子, 其中*黑化*、*岛屿*和*典型*表型的分别有 n_{C}, n_{I} 和 n_{T} 只. 于是 $n_{\mathrm{C}}+n_{\mathrm{I}}+n_{\mathrm{T}}=n$. 因为每只蛾子在讨论的基因上有两个等位基因, 样本中一共有 $2n$ 个等位基因. 如果知道每只蛾子的基因型而不仅仅是它的表型, 我们就能生成基因型数 n_{CC}, n_{CI}, n_{CT}, n_{II}, n_{IT} 和 n_{TT}, 由它们可以容易列出等位基因的频率. 例如, 有基因型 CI 的每只蛾子贡献一个 C 等位基因和一个 I 等位基因, 而一个 II 的蛾子贡献两个 I 等位基因. 这样的等位基因数会立刻提供 p_{C}, p_{I} 和 p_{T} 的估计. 仅由表型个数如何估计等位基因频率还很不明朗.

在 EM 符号下, 观测数据为 $\boldsymbol{x}=(n_{\mathrm{C}},n_{\mathrm{I}},n_{\mathrm{T}})$, 而完全数据为 $\boldsymbol{y}=(n_{\mathrm{CC}},n_{\mathrm{CI}},n_{\mathrm{CT}},n_{\mathrm{II}},n_{\mathrm{IT}},n_{\mathrm{TT}})$. 从完全数据到观测数据的映射为 $\boldsymbol{x}=M(\boldsymbol{y})=(n_{\mathrm{CC}}+n_{\mathrm{CI}}+n_{\mathrm{CT}},n_{\mathrm{II}}+n_{\mathrm{IT}},n_{\mathrm{TT}})$. 我们希望估计等位基因概率 p_{C}, p_{I} 和 p_{T}. 因为 $p_{\mathrm{T}}=1-p_{\mathrm{C}}-p_{\mathrm{I}}$, 该问题的参数向量为 $\boldsymbol{p}=(p_{\mathrm{C}},p_{\mathrm{I}})$, 但是为了符号的简化, 我们在后面常会提到 p_{T}.

完全数据的对数似然函数是多项式:

$$\begin{aligned}\log f_{\boldsymbol{Y}}(\boldsymbol{y}|\boldsymbol{p}) = & n_{\mathrm{CC}} \log\{p_{\mathrm{C}}^2\} + n_{\mathrm{CI}} \log\{2p_{\mathrm{C}}p_{\mathrm{I}}\} + n_{\mathrm{CT}} \log\{2p_{\mathrm{C}}p_{\mathrm{T}}\} \\ & + n_{\mathrm{II}} \log\{p_{\mathrm{I}}^2\} + n_{\mathrm{IT}} \log\{2p_{\mathrm{I}}p_{\mathrm{T}}\} + n_{\mathrm{TT}} \log\{p_{\mathrm{T}}^2\} \\ & + \log \binom{n}{n_{\mathrm{CC}}\ n_{\mathrm{CI}}\ n_{\mathrm{CT}}\ n_{\mathrm{II}}\ n_{\mathrm{IT}}\ n_{\mathrm{TT}}}. \end{aligned} \tag{4.4}$$

完全数据并不是都可观测到的. 设 $\boldsymbol{Y} = (N_{\mathrm{CC}}, N_{\mathrm{CI}}, N_{\mathrm{CT}}, N_{\mathrm{II}}, N_{\mathrm{IT}}, n_{\mathrm{TT}})$, 因为我们知道 $N_{\mathrm{TT}} = n_{\mathrm{TT}}$, 但其他的频率不可直接观测到. 为计算 $Q(\boldsymbol{p}|\boldsymbol{p}^{(t)})$, 注意到在条件 n_{C} 和参数向量 $\boldsymbol{p}^{(t)} = (p_{\mathrm{C}}^{(t)}, p_{\mathrm{I}}^{(t)})$ 下, 三种黑化基因型的潜在数目有一个三元多项式分布, 该分布具有个数参数 n_{C} 及与 $(p_{\mathrm{C}}^{(t)})^2, 2p_{\mathrm{C}}^{(t)}p_{\mathrm{I}}^{(t)}$ 和 $2p_{\mathrm{C}}^{(t)}p_{\mathrm{T}}^{(t)}$ 成比例的单元概率. 对两个典型单元也有类似的结果. 于是 (4.4) 中前五个随机部分的期望值为

$$\mathrm{E}\{N_{\mathrm{CC}}|n_{\mathrm{C}}, n_{\mathrm{I}}, n_{\mathrm{T}}, \boldsymbol{p}^{(t)}\} = n_{\mathrm{CC}}^{(t)} = \frac{n_{\mathrm{C}}(p_{\mathrm{C}}^{(t)})^2}{(p_{\mathrm{C}}^{(t)})^2 + 2p_{\mathrm{C}}^{(t)}p_{\mathrm{I}}^{(t)} + 2p_{\mathrm{C}}^{(t)}p_{\mathrm{T}}^{(t)}}, \tag{4.5}$$

$$\mathrm{E}\{N_{\mathrm{CI}}|n_{\mathrm{C}}, n_{\mathrm{I}}, n_{\mathrm{T}}, \boldsymbol{p}^{(t)}\} = n_{\mathrm{CI}}^{(t)} = \frac{2n_{\mathrm{C}}p_{\mathrm{C}}^{(t)}p_{\mathrm{I}}^{(t)}}{(p_{\mathrm{C}}^{(t)})^2 + 2p_{\mathrm{C}}^{(t)}p_{\mathrm{I}}^{(t)} + 2p_{\mathrm{C}}^{(t)}p_{\mathrm{T}}^{(t)}}, \tag{4.6}$$

$$\mathrm{E}\{N_{\mathrm{CT}}|n_{\mathrm{C}}, n_{\mathrm{I}}, n_{\mathrm{T}}, \boldsymbol{p}^{(t)}\} = n_{\mathrm{CT}}^{(t)} = \frac{2n_{\mathrm{C}}p_{\mathrm{C}}^{(t)}p_{\mathrm{T}}^{(t)}}{(p_{\mathrm{C}}^{(t)})^2 + 2p_{\mathrm{C}}^{(t)}p_{\mathrm{I}}^{(t)} + 2p_{\mathrm{C}}^{(t)}p_{\mathrm{T}}^{(t)}}, \tag{4.7}$$

$$\mathrm{E}\{N_{\mathrm{II}}|n_{\mathrm{C}}, n_{\mathrm{I}}, n_{\mathrm{T}}, \boldsymbol{p}^{(t)}\} = n_{\mathrm{II}}^{(t)} = \frac{n_{\mathrm{I}}(p_{\mathrm{I}}^{(t)})^2}{(p_{\mathrm{I}}^{(t)})^2 + 2p_{\mathrm{I}}^{(t)}p_{\mathrm{T}}^{(t)}}, \tag{4.8}$$

$$\mathrm{E}\{N_{\mathrm{IT}}|n_{\mathrm{C}}, n_{\mathrm{I}}, n_{\mathrm{T}}, \boldsymbol{p}^{(t)}\} = n_{\mathrm{IT}}^{(t)} = \frac{2n_{\mathrm{I}}p_{\mathrm{I}}^{(t)}p_{\mathrm{T}}^{(t)}}{(p_{\mathrm{I}}^{(t)})^2 + 2p_{\mathrm{I}}^{(t)}p_{\mathrm{T}}^{(t)}}. \tag{4.9}$$

最后, 我们知道 $n_{\mathrm{TT}} = n_{\mathrm{T}}$, 其中 n_{T} 是观测到的. 似然函数中的多项式系数有一个条件期望, 比方说 $k(n_{\mathrm{C}}, n_{\mathrm{I}}, n_{\mathrm{T}}, \boldsymbol{p}^{(t)})$, 它不依赖于 $\boldsymbol{p}$. 于是, 我们发现

$$\begin{aligned}Q(\boldsymbol{p}|\boldsymbol{p}^{(t)}) = & n_{\mathrm{CC}}^{(t)} \log\{p_{\mathrm{C}}^2\} + n_{\mathrm{CI}}^{(t)} \log\{2p_{\mathrm{C}}p_{\mathrm{I}}\} \\ & + n_{\mathrm{CT}}^{(t)} \log\{2p_{\mathrm{C}}p_{\mathrm{T}}\} + n_{\mathrm{II}}^{(t)} \log\{p_{\mathrm{I}}^2\} \\ & + n_{\mathrm{IT}}^{(t)} \log\{2p_{\mathrm{I}}p_{\mathrm{T}}\} + n_{\mathrm{TT}} \log\{p_{\mathrm{T}}^2\} + k(n_{\mathrm{C}}, n_{\mathrm{I}}, n_{\mathrm{T}}, \boldsymbol{p}^{(t)}). \end{aligned} \tag{4.10}$$

注意到 $p_{\mathrm{T}} = 1 - p_{\mathrm{C}} - p_{\mathrm{I}}$, 关于 p_{C} 和 p_{I} 求导得

$$\frac{\mathrm{d}Q(\boldsymbol{p}|\boldsymbol{p}^{(t)})}{\mathrm{d}p_{\mathrm{C}}} = \frac{2n_{\mathrm{CC}}^{(t)} + n_{\mathrm{CI}}^{(t)} + n_{\mathrm{CT}}^{(t)}}{p_{\mathrm{C}}} - \frac{2n_{\mathrm{TT}}^{(t)} + n_{\mathrm{CT}}^{(t)} + n_{\mathrm{IT}}^{(t)}}{1 - p_{\mathrm{C}} - p_{\mathrm{I}}}, \tag{4.11}$$

$$\frac{\mathrm{d}Q(\boldsymbol{p}|\boldsymbol{p}^{(t)})}{\mathrm{d}p_{\mathrm{I}}} = \frac{2n_{\mathrm{II}}^{(t)} + n_{\mathrm{IT}}^{(t)} + n_{\mathrm{CI}}^{(t)}}{p_{\mathrm{I}}} - \frac{2n_{\mathrm{TT}}^{(t)} + n_{\mathrm{CT}}^{(t)} + n_{\mathrm{IT}}^{(t)}}{1 - p_{\mathrm{C}} - p_{\mathrm{I}}}. \tag{4.12}$$

设这些导数为零并关于 p_{C} 和 p_{I} 求解即完成 M 步, 得到

$$p_{\mathrm{C}}^{(t+1)} = \frac{2n_{\mathrm{CC}}^{(t)} + n_{\mathrm{CI}}^{(t)} + n_{\mathrm{CT}}^{(t)}}{2n}, \tag{4.13}$$

$$p_{\mathrm{I}}^{(t+1)} = \frac{2n_{\mathrm{II}}^{(t)} + n_{\mathrm{IT}}^{(t)} + n_{\mathrm{CI}}^{(t)}}{2n}, \tag{4.14}$$

$$p_{\mathrm{T}}^{(t+1)} = \frac{2n_{\mathrm{TT}}^{(t)} + n_{\mathrm{CT}}^{(t)} + n_{\mathrm{IT}}^{(t)}}{2n}, \tag{4.15}$$

其中最后一个表达式是由这些概率加和为一的约束得到的. 如果第 t 次潜在数目是真的, 黑化等位基因在样本中的个数将会是 $2n_{\mathrm{CC}}^{(t)} + n_{\mathrm{CI}}^{(t)} + n_{\mathrm{CT}}^{(t)}$. 样本中一共有 $2n$ 个等位基因. 这样, EM 更新由设定 $\boldsymbol{p}^{(t+1)}$ 的元素等于从第 t 次潜在基因型数目得到的表型频率而组成.

假定观测到的基因型数目为 $n_{\mathrm{C}} = 85, n_{\mathrm{I}} = 196$ 及 $n_{\mathrm{T}} = 341$. 表 4.1 说明了 EM 算法如何收敛到极大似然估计, 约略为 $\hat{p}_{\mathrm{C}} = 0.070\ 84$, $\hat{p}_{\mathrm{I}} = 0.188\ 74$ 及 $\hat{p}_{\mathrm{T}} = 0.740\ 43$. 找到 $\hat{p}_{\mathrm{I}}$ 的一个精确估计比 $\hat{p}_{\mathrm{C}}$ 的要更慢, 因为似然函数在 p_{I} 坐标上较平缓.

表 4.1 椒花蛾例子的 EM 结果. 诊断量 $R^{(t)}$, $D_{\mathrm{C}}^{(t)}$ 和 $D_{\mathrm{I}}^{(t)}$ 同文中定义

t	$p_{\mathrm{C}}^{(t)}$	$p_{\mathrm{I}}^{(t)}$	$R^{(t)}$	$D_{\mathrm{C}}^{(t)}$	$D_{\mathrm{I}}^{(t)}$
0	0.333 333	0.333 333			
1	0.081 994	0.237 406	5.7×10^{-1}	0.042 5	0.337
2	0.071 249	0.197 870	1.6×10^{-1}	0.036 9	0.188
3	0.070 852	0.190 360	3.6×10^{-2}	0.036 7	0.178
4	0.070 837	0.189 023	6.6×10^{-3}	0.036 7	0.176
5	0.070 837	0.188 787	1.2×10^{-3}	0.036 7	0.176
6	0.070 837	0.188 745	2.1×10^{-4}	0.036 7	0.176
7	0.070 837	0.188 738	3.6×10^{-5}	0.036 7	0.176
8	0.070 837	0.188 737	6.4×10^{-6}	0.036 7	0.176

表 4.1 的后三列给出了收敛性的诊断. 相对收敛准则

$$R^{(t)} = \frac{\|\boldsymbol{p}^{(t)} - \boldsymbol{p}^{(t-1)}\|}{\|\boldsymbol{p}^{(t-1)}\|}, \tag{4.16}$$

概括了由一次迭代到下一次迭代在 $\boldsymbol{p}^{(t)}$ 上相对改变的总量, 其中 $\|\boldsymbol{z}\| = (\boldsymbol{z}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{z})^{1/2}$, 为了说明, 我们还给出了 $D_{\mathrm{C}}^{(t)} = \frac{p_{\mathrm{C}}^{(t)} - \hat{p}_{\mathrm{C}}}{p_{\mathrm{C}}^{(t-1)} - \hat{p}_{\mathrm{C}}}$ 和类似的量 $D_{\mathrm{I}}^{(t)}$. 这些比值很快收敛到常数, 从而证实 EM 的收敛速度如 (2.19) 定义的那样是线性的. □

例 4.3 (Bayes 后验众数) 考虑一个具有似然 $L(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})$、先验 $f(\boldsymbol{\theta})$ 以及缺失数据或者参数 $\boldsymbol{Z}$ 的 Bayes 问题. 为找到后验众数, E 步需要

$$
\begin{aligned}
Q(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)}) &= \mathrm{E}\{\log\{L(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{Y})f(\boldsymbol{\theta})k(\boldsymbol{Y})\}|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta}^{(t)}\} \\
&= \mathrm{E}\{\log L(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{Y})|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta}^{(t)}\} + \log f(\boldsymbol{\theta}) + \mathrm{E}\{\log k(\boldsymbol{Y})|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta}^{(t)}\}, \qquad (4.17)
\end{aligned}
$$

其中 (4.17) 中的最后一项是一个可以忽略的归一化常数, 因为 Q 是要求关于 $\boldsymbol{\theta}$ 最大化. 该函数 Q 通过简单地向极大似然框架中用到的 Q 函数添加对数先验而得到. 不幸的是, 对数先验的加入通常使得在 M 步最大化 Q 更困难. 4.3.2 节描述了多种在困难情况下简易化 M 步的方法. □

4.2.1 收敛性

为了观察 EM 算法的收敛性质, 我们通过说明每个最大化步提高了观测数据的对数似然 $l(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})$ 开始. 首先注意到观测数据密度的对数可重新表达为

$$
\log f_{\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{x}|\boldsymbol{\theta}) = \log f_{\boldsymbol{Y}}(\boldsymbol{y}|\boldsymbol{\theta}) - \log f_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{z}|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta}). \qquad (4.18)
$$

因此,

$$
\mathrm{E}\{\log f_{\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{x}|\boldsymbol{\theta})|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta}^{(t)}\} = \mathrm{E}\{\log f_{\boldsymbol{Y}}(\boldsymbol{y}|\boldsymbol{\theta})|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta}^{(t)}\} - \mathrm{E}\{\log f_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{z}|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta})|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta}^{(t)}\},
$$

其中期望是关于 $\boldsymbol{Z}|(\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 求取的. 于是

$$
\log f_{\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{x}|\boldsymbol{\theta}) = Q(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)}) - H(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)}), \qquad (4.19)
$$

其中

$$
H(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)}) = \mathrm{E}\{\log f_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta})|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta}^{(t)}\}. \qquad (4.20)
$$

在我们说明当 $\boldsymbol{\theta} = \boldsymbol{\theta}^{t}$ 时 $H(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 关于 $\boldsymbol{\theta}$ 取得最大后, (4.19) 的重要性成为显然. 为理解此点, 给出

$$
\begin{aligned}
H(\boldsymbol{\theta}^{(t)}|\boldsymbol{\theta}^{(t)}) - H(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)}) &= \mathrm{E}\{\log f_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta}^{(t)}) - \log f_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta})|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta}^{(t)}\} \\
&= \int -\log\left[\frac{f_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{z}|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta})}{f_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{z}|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta}^{(t)})}\right] f_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{z}|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta}^{(t)})\mathrm{d}\boldsymbol{z} \\
&\geqslant -\log\int f_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{z}|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta})\mathrm{d}\boldsymbol{z} \\
&= 0. \qquad (4.21)
\end{aligned}
$$

表达式 (4.21) 来自 Jensen 不等式的一个应用, 这是因为 $-\log u$ 关于 u 是严格凸的.

这样, 任何 $\boldsymbol{\theta} \neq \boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 都使得 $H(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 比 $H(\boldsymbol{\theta}^{(t)}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 要小. 特别地, 如果我们选择 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}$ 来关于 $\boldsymbol{\theta}$ 最大化 $Q(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$, 那么因为 Q 增大而 H 减少,

$$
\log f_{\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{x}|\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}) - \log f_{\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{x}|\boldsymbol{\theta}^{(t)}) \geqslant 0, \qquad (4.22)
$$

当 $Q(\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}|\boldsymbol{\theta}^{(t)}) > Q(\boldsymbol{\theta}^{(t)}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 时, 严格不等式成立.

在每次迭代中选择 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}$ 来关于 $\boldsymbol{\theta}$ 最大化 $Q(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 构成了标准的 EM 算法. 如果取而代之的是只简单选取任一个使得 $Q(\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}|\boldsymbol{\theta}^{(t)}) > Q(\boldsymbol{\theta}^{(t)}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 的 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}$, 那么得到的算法称作广义 EM, 或者 GEM. 在任一情形, 增大 Q 的那一步也增大了对数似然. 使得该上升性保证收敛到某极大似然估计的条件在 [54, 576] 进行了探讨.

得到该结果后, 下面考虑该方法收敛的阶. EM 算法定义了一个映射 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)} = \boldsymbol{\Psi}(\boldsymbol{\theta}^{(t)})$, 其中函数 $\boldsymbol{\Psi}(\boldsymbol{\theta}) = (\Psi_1(\boldsymbol{\theta}), \cdots, \Psi_p(\boldsymbol{\theta}))$ 且 $\boldsymbol{\theta} = (\theta_1, \cdots, \theta_p)$. 当 EM 收敛时, 如果收敛到该映射的一个不动点, 那么 $\hat{\boldsymbol{\theta}} = \boldsymbol{\Psi}(\hat{\boldsymbol{\theta}})$. 设 $\boldsymbol{\Psi}'(\boldsymbol{\theta})$ 表示 Jacobi 矩阵, 其 (i,j) 元素为 $\frac{\mathrm{d}\Psi_i(\boldsymbol{\theta})}{\mathrm{d}\theta_j}$. 因为 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)} - \hat{\boldsymbol{\theta}} = \boldsymbol{\Psi}(\boldsymbol{\theta}^{(t)}) - \boldsymbol{\Psi}(\hat{\boldsymbol{\theta}})$, $\boldsymbol{\Psi}$ 的 Taylor 级数展开得到

$$\boldsymbol{\theta}^{(t+1)} - \hat{\boldsymbol{\theta}} \approx \boldsymbol{\Psi}'(\boldsymbol{\theta}^{(t)})(\boldsymbol{\theta}^{(t)} - \hat{\boldsymbol{\theta}}), \tag{4.23}$$

将该结果与 (2.19) 式比较, 我们看到当 $p = 1$ 时 EM 算法有线性收敛. 对 $p > 1$, 若观测的信息 $-\boldsymbol{l}''(\hat{\boldsymbol{\theta}}|\boldsymbol{x})$ 是正定的, 则收敛仍是线性的. 有关收敛的更精确细节在 [130, 380, 383, 386] 给出.

EM 收敛的全局速度定义为

$$\rho = \lim_{t\to\infty} \frac{\|\boldsymbol{\theta}^{(t+1)} - \hat{\boldsymbol{\theta}}\|}{\|\boldsymbol{\theta}^{(t)} - \hat{\boldsymbol{\theta}}\|}. \tag{4.24}$$

可以证明当 $-\boldsymbol{l}''(\hat{\boldsymbol{\theta}}|\boldsymbol{x})$ 正定时, ρ 等于 $\boldsymbol{\Psi}'(\hat{\boldsymbol{\theta}})$ 的最大特征值. 在 4.2.3 节第 1,2 部分我们将考查 $\boldsymbol{\Psi}'(\hat{\boldsymbol{\theta}})$ 如何是缺失信息分数的一个矩阵. 这样, ρ 可有效地用作缺失信息总比例的一个标量综合. 在概念上, 缺失信息的比例等于 1 减去观测信息与包含在完全数据中的信息的比率. 这样, 当缺失信息的比例较大时, EM 经历较慢的收敛. 比如与牛顿法的二次收敛相比, EM 的线性收敛会极端地慢, 尤其是当缺失信息的分数很大时. 然而, EM 的执行方便和稳定上升通常是非常吸引人的, 尽管它收敛慢. 4.3.3 节讨论了加速 EM 收敛的方法.

为进一步理解 EM 如何工作, 注意到由 (4.21) 得

$$l(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x}) \geqslant Q(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)}) + l(\boldsymbol{\theta}^{(t)}|\boldsymbol{x}) - Q(\boldsymbol{\theta}^{(t)}|\boldsymbol{\theta}^{(t)}) = G(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)}). \tag{4.25}$$

由于 $G(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 的后两项独立于 $\boldsymbol{\theta}$, 函数 Q 和 G 在相同的 $\boldsymbol{\theta}$ 达到最大. 此外, G 在 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 与 l 相切, 且在任一处低于 l. 我们说 G 是 l 的一个*劣化函数*. EM 策略将优化问题由 l 转换到替代函数 G(有效地到 Q), 这更便于最大化. G 的最大值点保证了在 l 值上的增加. 这个思想在图 4.1 给出了图解. 每个 E 步等同于构造劣化函数 G, 而每个 M 步等同于最大化该函数以给出一个上升的路径.

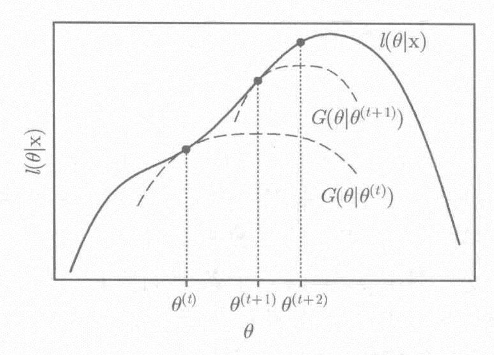


图 4.1 作为一种劣化或优化转换策略的 EM 算法的一维图示

临时把 l 用一个劣化函数替代是称作*优化转换*的更一般策略的一个例子. EM 算法与优化转换其他统计应用的联系在 [350] 进行了考察. 在提出最优化为最小化的数学应用中, 我们通常求助于*最大化* (majorization), 因为我们能通过用 $-G(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 来最大化负的对数似然来实现.

4.2.2 在指数族中的应用

当完全数据被建模为具有指数族分布时, 数据的密度可以写成 $f(\boldsymbol{y}|\boldsymbol{\theta}) = c_1(\boldsymbol{y})c_2(\boldsymbol{\theta})\exp\{\boldsymbol{\theta}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{s}(\boldsymbol{y})\}$, 其中 $\boldsymbol{\theta}$ 是自然参数的一个向量, $\boldsymbol{s}(\boldsymbol{y})$ 是充分统计量的一个向量. 在这种情形, E 步得出

$$Q(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)}) = k + \log c_2(\boldsymbol{\theta}) + \int \boldsymbol{\theta}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{s}(\boldsymbol{y})f_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{z}|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta}^{(t)})\mathrm{d}\boldsymbol{z}, \tag{4.26}$$

其中 k 是一个不依赖于 $\boldsymbol{\theta}$ 的量. 为实现 M 步, 设 $Q(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 关于 $\boldsymbol{\theta}$ 的梯度等于零. 在重新整理各项并采用明显的符号简化进行向量化积分后, 得到

$$\frac{-\boldsymbol{c}_2'(\boldsymbol{\theta})}{c_2(\boldsymbol{\theta})} = \int \boldsymbol{s}(\boldsymbol{y})f_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{z}|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta}^{(t)})\mathrm{d}\boldsymbol{z}. \tag{4.27}$$

可直接证明 $\boldsymbol{c}_2'(\boldsymbol{\theta}) = -c_2(\boldsymbol{\theta})\mathrm{E}\{\boldsymbol{s}(\boldsymbol{Y})|\boldsymbol{\theta}\}$. 因此, (4.27) 意味着 M 步是通过设 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}$ 等于求解

$$\mathrm{E}\{\boldsymbol{s}(\boldsymbol{Y})|\boldsymbol{\theta}\} = \int \boldsymbol{s}(\boldsymbol{y})f_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{z}|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta}^{(t)})\mathrm{d}\boldsymbol{z} \tag{4.28}$$

得到的 $\boldsymbol{\theta}$ 而完成. 除去将 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 用 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}$ 代替外, 下一个 E 步的 $Q(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 的形式是不变的, 且下一个 M 步求解同样的优化问题. 因此, 指数族的 EM 算法由下面的步骤组成.

(1) **E 步:** 给定观测数据并利用现有的参数猜测值 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$, 计算完全数据的充分统计量的期望值. 令 $\boldsymbol{s}^{(t)} = \mathrm{E}\{\boldsymbol{s}(\boldsymbol{Y})|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta}^{(t)}\} = \int \boldsymbol{s}(\boldsymbol{y})f_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{z}|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta}^{(t)})\mathrm{d}\boldsymbol{z}$.

(2) **M 步**: 设 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}$ 为使得完全数据的充分统计量的无条件期望等于 $\boldsymbol{s}^{(t)}$ 的 $\boldsymbol{\theta}$ 值. 换句话说, $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}$ 是求解 $\mathrm{E}\{\boldsymbol{s}(\boldsymbol{Y})|\boldsymbol{\theta}\}=\boldsymbol{s}^{(t)}$ 得到的.

(3) 返回 E 步, 直到满足某收敛准则为止.

例 4.4 (椒花蛾, 续) 例 4.2 中的完全数据来自一个多元正态分布, 是属于指数族的. 充分统计量是, 比如说, 前五个基因型数目 (第六个由个数总和为 n 的约束得到), 自然参数是 (4.4) 中看到的相应的对数概率. 借用 (4.5)~(4.9) 的符号并以明显的方式索引 $\boldsymbol{s}^{(t)}$ 的成分, 则 E 步的前三个条件期望是 $s_{\mathrm{CC}}^{(t)}=n_{\mathrm{CC}}^{(t)}$, $s_{\mathrm{CI}}^{(t)}=n_{\mathrm{CI}}^{(t)}$ 和 $s_{\mathrm{CT}}^{(t)}=n_{\mathrm{CT}}^{(t)}$. 前三个充分统计量的无条件期望为 $np_{\mathrm{C}}^2, 2np_{\mathrm{C}}p_{\mathrm{I}}$ 和 $2np_{\mathrm{C}}p_{\mathrm{T}}$. 让这三个表达式等于上面给出的条件期望并对 p_{C} 求解构成 p_{C} 的 M 步. 三个方程求和给出 $np_{\mathrm{C}}^2+2np_{\mathrm{C}}p_{\mathrm{I}}+2np_{\mathrm{C}}p_{\mathrm{T}}=n_{\mathrm{CC}}^{(t)}+n_{\mathrm{CI}}^{(t)}+n_{\mathrm{CT}}^{(t)}$, 它简化为 (4.13) 给出的更新. 注意到三个概率加和为 1 的约束, p_{I} 和 p_{T} 的 EM 更新可类似找到. □

4.2.3 方差估计

在极大似然估计框架中, EM 算法用来找到一个极大似然估计, 但并不自动产生极大似然估计的协方差阵的一个估计. 通常地, 我们会用极大似然估计的渐进正态性来确保寻找 Fisher 信息阵的一个估计. 因此, 估计协方差阵的一种方式是计算观测信息 $-\boldsymbol{l}''(\hat{\boldsymbol{\theta}}|\boldsymbol{x})$, 其中 $\boldsymbol{l}''$ 是 $\log L(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})$ 的二阶导数的 Hessian 阵.

在 Bayes 框架中, $\boldsymbol{\theta}$ 的后验协方差阵的一个估计可以通过注意后验的渐进正态性来得到 [194]. 这需要对数后验密度的 Hessian 阵.

在有些情形, Hessian 阵可以解析计算出来. 而在其他情形, 要得到或编码 Hessian 阵会很困难. 在这些场合, 可用多种其他方法来简化协方差阵的估计.

在下面描述的方法中, SEM 算法容易实施且通常给出快速、可靠的结果. 甚至更容易的是自助法 (bootstrap), 尽管对非常复杂的问题, 嵌套循环的计算量会令人望而却步. 这两种方法很值得推荐, 然而在某些情况下其他的备选方法也会有用.

1. Louis *方法*

取 (4.19) 的二阶偏导数且两边反号得到

$$-\boldsymbol{l}''(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})=-\boldsymbol{Q}''(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\omega})|_{\boldsymbol{\omega}=\boldsymbol{\theta}}+\boldsymbol{H}''(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\omega})|_{\boldsymbol{\omega}=\boldsymbol{\theta}}, \tag{4.29}$$

其中在 $\boldsymbol{Q}''$ 和 $\boldsymbol{H}''$ 上的撇号表示关于第一个自变量 $\boldsymbol{\theta}$ 的导数.

等式 (4.29) 可以重写成

$$\hat{\boldsymbol{\imath}}_{\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{\theta})=\hat{\boldsymbol{\imath}}_{\boldsymbol{Y}}(\boldsymbol{\theta})-\hat{\boldsymbol{\imath}}_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{\theta}), \tag{4.30}$$

其中 $\hat{\boldsymbol{\imath}}_{\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{\theta})=-\boldsymbol{l}''(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})$ 是观测信息, 而 $\hat{\boldsymbol{\imath}}_{\boldsymbol{Y}}(\boldsymbol{\theta})$ 和 $\hat{\boldsymbol{\imath}}_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{\theta})$ 分别称作完全信息和缺失信息. 交换积分和求导 (当可能时), 我们有

$$\hat{\boldsymbol{\imath}}_{\boldsymbol{Y}}(\boldsymbol{\theta})=-\boldsymbol{Q}''(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\omega})|_{\boldsymbol{\omega}=\boldsymbol{\theta}}=-\mathrm{E}\{\boldsymbol{l}''(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{Y})|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta}\}, \tag{4.31}$$

它是 (1.28) 中定义的 Fisher 信息的回顾. 这促成了称 $\hat{\boldsymbol{i}}_{\boldsymbol{Y}}(\boldsymbol{\theta})$ 为完全信息. 类似的讨论对 $-\boldsymbol{H}''$ 也成立. 等式 (4.30) 表明观测信息等于完全信息减去缺失信息, 该结果称为**缺失信息法则**[363, 574].

缺失信息法则可用来得到 $\hat{\boldsymbol{\theta}}$ 的协方差阵的一个估计. 可以证明

$$\hat{\boldsymbol{i}}_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{\theta}) = \text{var}\left\{\frac{\mathrm{d}\log f_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta})}{\mathrm{d}\boldsymbol{\theta}}\right\}, \tag{4.32}$$

其中方差是关于 $f_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}$ 求的. 进一步, 因为在 $\hat{\boldsymbol{\theta}}$ 处的期望得分为零, 故有

$$\hat{\boldsymbol{i}}_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\hat{\boldsymbol{\theta}}) = \int \boldsymbol{S}_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\hat{\boldsymbol{\theta}})\boldsymbol{S}_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\hat{\boldsymbol{\theta}})^{\mathrm{T}} f_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{z}|\boldsymbol{X},\hat{\boldsymbol{\theta}})\mathrm{d}\boldsymbol{z}, \tag{4.33}$$

其中 $\boldsymbol{S}_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{\theta}) = \frac{\mathrm{d}\log f_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{z}|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta})}{\mathrm{d}\boldsymbol{\theta}}$.

缺失信息法则使得我们能够用完全数据似然和给定观测数据下缺失数据的条件密度来表达 $\hat{\boldsymbol{i}}_{\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{\theta})$, 而且可以避免包括观测数据的可能复杂的边际似然的计算. 在某些情况下该方法可较容易得到并编码, 但它并不总比直接计算 $-\boldsymbol{l}''(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})$ 明显地容易.

如果 $\hat{\boldsymbol{i}}_{\boldsymbol{Y}}(\boldsymbol{\theta})$ 或者 $\hat{\boldsymbol{i}}_{\boldsymbol{Z}}(\boldsymbol{\theta})$ 难于解析计算, 可以通过 Monte Carlo 方法 (见第 6 章) 来估计. 例如, $\hat{\boldsymbol{i}}_{\boldsymbol{Y}}(\boldsymbol{\theta})$ 的最简单的 Monte Carlo 估计为

$$\frac{1}{m}\sum_{i=1}^{m} -\frac{\mathrm{d}^2\log f_{\boldsymbol{Y}}(\boldsymbol{y}_i|\boldsymbol{\theta})}{\mathrm{d}\boldsymbol{\theta}\cdot\mathrm{d}\boldsymbol{\theta}}, \tag{4.34}$$

其中对 $i=1,\cdots,m$, $\boldsymbol{y}_i = (\boldsymbol{x},\boldsymbol{z}_i)$ 是模拟的完全数据集, 它是由观测数据和从 $f_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}$ 抽取的独立同分布假设下的缺失数据值 $\boldsymbol{z}_i$ 构成的. 类似地, $\hat{\boldsymbol{i}}_{\boldsymbol{Z}}(\boldsymbol{\theta})$ 的一个简单的 Monte Carlo 估计是由这样收集的 $\boldsymbol{z}_i$ 得到的 $-\frac{\mathrm{d}\log f_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{z}_i|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta})}{\mathrm{d}\boldsymbol{\theta}}$ 值的样本方差.

例 4.5 (删失的指数数据) 假定我们试图在模型 $Y_1,\cdots,Y_n \sim \text{i.i.d.}\,\text{Exp}(\lambda)$ 下观测到完全数据, 但有些情形是右删失的. 这样, 观测数据是 $\boldsymbol{x} = (\boldsymbol{x}_1,\cdots,\boldsymbol{x}_n)$, 其中 $\boldsymbol{x}_i = (\min(y_i,c_i),\delta_i)$, c_i 是删失水平, 如果 $y_i \leqslant c_i$, $\delta_i = 1$, 否则 $\delta_i = 0$.

完全数据对数似然为 $l(\lambda|y_1,\cdots,y_n) = n\log\lambda - \lambda\sum\limits_{i=1}^{n} y_i$. 这样

$$\begin{aligned}
Q(\lambda|\lambda^{(t)}) &= \mathrm{E}(l(\lambda|Y_1,\cdots,Y_n)|\boldsymbol{x},\lambda^{(t)}) &(4.35)\\
&= n\log\lambda - \lambda\sum_{i=1}^{n}\mathrm{E}\{Y_i|\boldsymbol{x}_i,\lambda^{(t)}\}\\
&= n\log\lambda - \lambda\sum_{i=1}^{n}\left[y_i\delta_i + (c_i + 1/\lambda^{(t)})(1-\delta_i)\right] &(4.36)\\
&= n\log\lambda - \lambda\sum_{i=1}^{n}[y_i\delta_i + c_i(1-\delta_i)] - C\lambda/\lambda^{(t)}, &(4.37)
\end{aligned}$$

其中 $C=\sum_{i=1}^{n}(1-\delta_i)$ 表示删失事件的个数. 注意到 (4.36) 来自指数分布的无记忆性. 因此, $-Q''(\lambda|\lambda^{(t)})=n/\lambda^2$.

一个删失事件 Z_i 的未观测到的结果有密度 $f_{Z_i|X}(z_i|x,\lambda)=\lambda\exp\{-\lambda(z_i-c_i)\}1_{\{z_i>c_i\}}$. 像在 (4.32) 中那样计算 $\hat{i}_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\lambda)$, 我们发现

$$\frac{\mathrm{d}\log f_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{x},\lambda)}{\mathrm{d}\lambda}=C/\lambda-\sum_{\{i:\delta_i=0\}}(Z_i-c_i). \tag{4.38}$$

由于 Z_i-c_i 有一个 $\mathrm{Exp}(\lambda)$ 分布, 该表达式关于 $f_{Z_i|X}$ 的方差为

$$\hat{i}_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\lambda)=\sum_{\{i:\delta_i=0\}}\mathrm{var}\{Z_i-c_i\}=C/\lambda^2. \tag{4.39}$$

这样, 应用 Louis 方法,

$$\hat{i}_{\boldsymbol{X}}(\lambda)=n/\lambda^2-C/\lambda^2=U/\lambda^2, \tag{4.40}$$

其中 $U=\sum_{i=1}^{n}\delta_i$ 表示未删失事件的个数. 对这个基本的例子, 通过直接分析容易验证 $-l''(\lambda|\boldsymbol{x})=U/\lambda^2$. □

2. SEM 算法

记得前面有 $\boldsymbol{\Psi}$ 表示 EM 映射, 且有不动点 $\hat{\boldsymbol{\theta}}$ 和 (i,j) 元素等于 $\frac{\mathrm{d}\Psi_i(\boldsymbol{\theta})}{\mathrm{d}\theta_j}$ 的 Jacobi 矩阵 $\boldsymbol{\Psi}'(\boldsymbol{\theta})$. Dempster 等人 [130] 说明在 (4.30) 的术语下

$$\boldsymbol{\Psi}'(\hat{\boldsymbol{\theta}})^{\mathrm{T}}=\hat{\boldsymbol{i}}_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\hat{\boldsymbol{\theta}})\hat{\boldsymbol{i}}_{\boldsymbol{Y}}(\hat{\boldsymbol{\theta}})^{-1}. \tag{4.41}$$

如果我们将 (4.30) 中的缺失信息法则重新表达为

$$\hat{\boldsymbol{i}}_{\boldsymbol{X}}(\hat{\boldsymbol{\theta}})=[\boldsymbol{I}-\hat{\boldsymbol{i}}_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\hat{\boldsymbol{\theta}})\hat{\boldsymbol{i}}_{\boldsymbol{Y}}(\hat{\boldsymbol{\theta}})^{-1}]\hat{\boldsymbol{i}}_{\boldsymbol{Y}}(\hat{\boldsymbol{\theta}}), \tag{4.42}$$

其中 $\boldsymbol{I}$ 是一个单位阵, 并且把 (4.41) 代入 (4.42), 然后将 $\hat{\boldsymbol{i}}_{\boldsymbol{X}}(\hat{\boldsymbol{\theta}})$ 求逆可给出估计

$$\widehat{\mathrm{var}}\{\boldsymbol{\theta}\}=\hat{\boldsymbol{i}}_{\boldsymbol{Y}}(\hat{\boldsymbol{\theta}})^{-1}\left(\boldsymbol{I}+\boldsymbol{\Psi}'(\hat{\boldsymbol{\theta}})^{\mathrm{T}}[\boldsymbol{I}-\boldsymbol{\Psi}'(\hat{\boldsymbol{\theta}})^{\mathrm{T}}]^{-1}\right). \tag{4.43}$$

这个结果是吸引人的, 因为它把想得到的协方差阵表示成了完全数据协方差阵加一个考虑缺失数据的不确定性的增量矩阵. 当结合后面的数值微分策略来估计该增量时, Meng 和 Rubin 把此方法称为*扩展的* EM(SEM) 算法 [384]. 因为在微分方法中, 数值不精确只影响估计的增量, 协方差阵的估计通常比在 4.2.3 节第 5 部分描述的普通的数值微分方法更稳定.

$\boldsymbol{\Psi}'(\hat{\boldsymbol{\theta}})$ 的估计如下进行. SEM 的第一步是运行 EM 算法直至收敛, 找到最大值点 $\hat{\boldsymbol{\theta}}$. 第二步是从 $\boldsymbol{\theta}^{(0)}$ 重新开始算法. 尽管可以从原来的起始点重新开始, 最好是选择更靠近 $\hat{\boldsymbol{\theta}}$ 的 $\boldsymbol{\theta}^{(0)}$.

已经这样初始化 SEM 后, 我们对 $t=0,1,2,\cdots$ 开始 SEM 迭代. 第 $t+1$ 步 SEM 迭代通过取一个标准的 E 步和 M 步由 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 产生 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}$ 开始. 接着, 对 $j=1,\cdots,p$, 定义 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}(j)=(\hat{\theta}_1,\cdots,\hat{\theta}_{j-1},\theta_j^{(t)},\hat{\theta}_{j+1},\cdots,\hat{\theta}_p)$ 和对 $i=1,\cdots,p$,

$$r_{ij}^{(t)}=\frac{\Psi_i(\boldsymbol{\theta}^{(t)}(j))-\hat{\theta}_i}{\theta_j^{(t)}-\hat{\theta}_j}, \tag{4.44}$$

注意 $\boldsymbol{\Psi}(\hat{\boldsymbol{\theta}})=\hat{\boldsymbol{\theta}}$. 这完成一步 SEM 迭代. $\Psi_i(\boldsymbol{\theta}^{(t)}(j))$ 的值是通过对 $j=1,\cdots,p$ 应用一步 EM 循环到 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}(j)$ 而产生的估计.

注意到 $\boldsymbol{\Psi}'(\hat{\boldsymbol{\theta}})$ 的 (i,j) 元素等于 $\lim\limits_{t\to\infty} r_{ij}^{(t)}$. 当 $r_{ij}^{(t)}$ 值的序列对 $t\geqslant t_{ij}^*$ 稳定时, 我们可以认为该矩阵的每一个元素是被精确估计的. 注意 $\boldsymbol{\Psi}'(\hat{\boldsymbol{\theta}})$ 的不同元素的精确估计可能需要不同的迭代次数. 当所有元素都稳定后, SEM 迭代停止, 得到的 $\boldsymbol{\Psi}'(\hat{\boldsymbol{\theta}})$ 的估计用来确定 (4.43) 中给出的 $\widehat{\operatorname{var}}\{\hat{\boldsymbol{\theta}}\}$.

数值不精确可以引起得到的协方差阵稍微不对称. 这种非对称性能用来诊断原始的 EM 过程是否运行到了足够的精度, 以及用来评定估计的协方差阵的元素中有多少位是可靠的. 如果 $\boldsymbol{I}-\boldsymbol{\Psi}'(\hat{\boldsymbol{\theta}})^{\mathrm{T}}$ 不是半正定的或者不能数值求逆, 也会出现困难; 见 [384]. 建议变换 $\boldsymbol{\theta}$ 以达到一个近似正态似然, 这样能获得更快的收敛并增加最终解的精度.

例 4.6 (椒花蛾, 续) 来自例 4.2 的结果可以用 Meng 和 Rubin 的方法来补充. 由 $p_{\mathrm{C}}^{(0)}=0.07$ 和 $p_{\mathrm{I}}^{(0)}=0.19$ 开始, 在少许的 SEM 迭代内可得到稳定、精确的结果. $\hat{p}_{\mathrm{C}}$, $\hat{p}_{\mathrm{I}}$ 和 $\hat{p}_{\mathrm{T}}$ 的标准误分别是 0.007 4, 0.011 9 和 0.132. 两两相关系数为 $\operatorname{cor}\{\hat{p}_{\mathrm{C}},\hat{p}_{\mathrm{I}}\}=-0.14, \operatorname{cor}\{\hat{p}_{\mathrm{C}},\hat{p}_{\mathrm{T}}\}=-0.44$ 和 $\operatorname{cor}\{\hat{p}_{\mathrm{I}},\hat{p}_{\mathrm{T}}\}=-0.83$. 这里, SEM 用来得到 $\hat{p}_{\mathrm{C}}$ 和 $\hat{p}_{\mathrm{I}}$ 的结果, 方差、协方差和相关系数之间的基本关系则用来为 $\hat{p}_{\mathrm{T}}$ 扩展这些结果, 这是因为估计的概率加和为 1. □

在 EM 迭代终止后才开始 SEM 迭代看起来效率不高. 一种备选方法是在 EM 迭代进行时尝试用

$$\tilde{r}_{ij}^{(t)}=\frac{\Psi_i(\theta_1^{(t-1)},\cdots,\theta_{j-1}^{(t-1)},\theta_j^{(t)},\theta_{j+1}^{(t-1)},\cdots,\theta_p^{(t-1)})-\Psi_i(\boldsymbol{\theta}^{(t-1)})}{\theta_j^{(t)}-\theta_j^{(t-1)}} \tag{4.45}$$

来估计 $\boldsymbol{\Psi}'(\hat{\boldsymbol{\theta}})$ 的成分. 然而, Meng 和 Rubin 指出该方法总的说来并不会需要更少的迭代, 首先找到 $\hat{\boldsymbol{\theta}}$ 所需的多余的步数能通过更接近 $\hat{\boldsymbol{\theta}}$ 来开始 SEM 得到弥补, 且该备选方法数值稳定性较差. Jamshidian 和 Jennrich 调查了对 $\boldsymbol{\Psi}$ 或 $\boldsymbol{l}'$ 本身数值微分的多种方法, 包括某些他们认为优于 SEM 的方法 [302].

3. Bootstrap(自助法)

Bootstrap 的全面讨论在第 9 章给出. 在其最简单的实施中, 用 Bootstrap 来为 EM 得到协方差阵的一个估计, 对独立同分布的观测数据 $\boldsymbol{x}_1, \cdots, \boldsymbol{x}_n$ 来说将如下进行:

(1) 用适用于 $\boldsymbol{x}_1, \cdots, \boldsymbol{x}_n$ 的一个合适的 EM 方法来计算 $\hat{\boldsymbol{\theta}}_{\mathrm{EM}}$. 令 $j=1$, 且设 $\hat{\boldsymbol{\theta}}_j = \hat{\boldsymbol{\theta}}_{\mathrm{EM}}$.

(2) 增加 j. 从 $\boldsymbol{x}_1, \cdots, \boldsymbol{x}_n$ 有放回地完全随机抽取伪数据 $\boldsymbol{X}_1^*, \cdots, \boldsymbol{X}_n^*$.

(3) 通过将同样的 EM 方法应用到拟数据 $\boldsymbol{X}_1^*, \cdots, \boldsymbol{X}_n^*$ 上计算 $\hat{\boldsymbol{\theta}}_j$.

(4) 如果 j 足够大, 停止; 否则返回第 2 步.

对多数问题, 几千次迭代就足够了. 在过程的最后, 我们已经产生了一组参数估计 $\hat{\boldsymbol{\theta}}_1, \cdots, \hat{\boldsymbol{\theta}}_B$, 其中 B 表示用到的迭代总数. 于是这些 B 个估计的样本方差就是 $\hat{\boldsymbol{\theta}}$ 的估计方差. 顺便地, $\hat{\boldsymbol{\theta}}$ 的样本分布的其他特征, 比如相关系数和分位数, 可以用基于 $\hat{\boldsymbol{\theta}}_1, \cdots, \hat{\boldsymbol{\theta}}_B$ 的相应样本估计来得到. 注意, Bootstrap 将 EM 循环潜入到了 B 次迭代的第二层循环中. 当每个 EM 问题的求解由于高比例的缺失数据或高维而变慢时, 这一嵌套循环将会导致计算繁重.

4. 经验信息

当数据是独立同分布 (i.i.d.) 时, 注意到得分函数是每个观测的单个得分的和:

$$\frac{\mathrm{d}\log f_{\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{x}|\boldsymbol{\theta})}{\mathrm{d}\boldsymbol{\theta}} = \boldsymbol{l}'(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x}) = \sum_{i=1}^{n} \boldsymbol{l}'(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x}_i), \tag{4.46}$$

这里我们把观测数据集写成 $\boldsymbol{x} = (\boldsymbol{x}_1, \cdots, \boldsymbol{x}_n)$. 因为 Fisher 信息阵定义为得分函数的方差, 上式建议用单个得分的样本方差来估计该信息. 经验信息定义为

$$\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} \boldsymbol{l}'(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x}_i)\boldsymbol{l}'(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x}_i)^{\mathrm{T}} - \frac{1}{n^2}\boldsymbol{l}'(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x}_i)\boldsymbol{l}'(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x}_i)^{\mathrm{T}}. \tag{4.47}$$

这一估计已经在 [381, 447] 的 EM 内容中得到了讨论. 该方法吸引人之处在于 (4.47) 中的所有项都是 M 步的副产品: 不需要额外的分析. 为了解这点, 注意到 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 关于 $\boldsymbol{\theta}$ 最大化 $Q(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)}) - l(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})$. 因此, 关于 $\boldsymbol{\theta}$ 取导数得

$$\boldsymbol{Q}'(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})\big|_{\boldsymbol{\theta}=\boldsymbol{\theta}^{(t)}} = \boldsymbol{l}'(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})\big|_{\boldsymbol{\theta}=\boldsymbol{\theta}^{(t)}}. \tag{4.48}$$

由于 $\boldsymbol{Q}'$ 通常在每个 M 步计算, 故 (4.47) 中的单个项是可以得到的.

5. 数值微分

为估计 Hessian 阵, 考虑用 (1.10) 计算 $\boldsymbol{l}'$ 在 $\hat{\boldsymbol{\theta}}$ 处的数值导数, 每次一个坐标. 估计的 Hessian 阵的第一行可以通过向 $\hat{\boldsymbol{\theta}}$ 的第一维坐标加一个小的扰动得到, 然后

计算 $\boldsymbol{l}'(\boldsymbol{\theta})$ 在 $\boldsymbol{\theta}=\hat{\boldsymbol{\theta}}$ 和扰动值处取值的差与扰动大小的比率. Hessian 阵的其余行也可类似地近似. 如果一个扰动太小, 估计的偏导数可能由于舍入误差而不准确; 如果一个扰动太大, 估计可能也不准确. 这样的数值导数需慎重地自动处理, 特别是当 $\hat{\boldsymbol{\theta}}$ 的成分有不同的刻度时. 更多深奥的数值微分策略可在 [302] 中找到.

4.3 EM 变 型

4.3.1 改进 E 步

E 步需要找到在观测数据条件下完全数据的期望对数似然. 我们已经用 $Q(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 表示该期望. 当该期望难以解析计算时, 可以用 Monte Carlo 方法来近似 (见第 6 章).

Monte Carlo EM

Wei 和 Tanner[557] 提出第 t 个 E 步可以用下面的两步替代.

(1) 从 $f_{\boldsymbol{Z}|\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{z}|\boldsymbol{x},\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 中抽取独立同分布的缺失数据集 $\boldsymbol{Z}_1^{(t)},\cdots,\boldsymbol{Z}_{m^{(t)}}^{(t)}$. 每个 $\boldsymbol{Z}_j^{(t)}$ 是用来补齐观测数据集的所有缺失值的一个向量, 这样 $\boldsymbol{Y}_j=(\boldsymbol{x},\boldsymbol{Z}_j)$ 表示一个补齐的数据集, 其中缺失值由 $\boldsymbol{Z}_j$ 代替.

(2) 计算 $\hat{Q}^{(t+1)}(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})=\frac{1}{m^{(t)}}\sum\limits_{j=1}^{m^{(t)}}\log f_{\boldsymbol{Y}}(\boldsymbol{Y}_j^{(t)}|\boldsymbol{\theta})$.

那么 $\hat{Q}^{(t+1)}(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 就是 $Q(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 的 Monte Carlo 估计. M 步改为最大化 $\hat{Q}^{(t+1)}(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$.

推荐的策略是在初期的 EM 迭代中使用较小的 $m^{(t)}$ 并随着迭代的进行逐渐增大 $m^{(t)}$ 以减少在 $\hat{Q}$ 中引入的 Monte Carlo 变异性. 不过这种 Monte Carlo EM 算法 (MCEM) 和普通的 EM 收敛方式不一样. 随着迭代的进行, $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 的值最终在真实的最大值附近跳跃, 其精度依赖于 $m^{(t)}$. 关于 MCEM 渐进收敛性的讨论见 [87]. 对 MCEM 随机备选方案的讨论见 [129].

例 4.7 (删失的指数数据, 续) 在例 4.5 中, 容易计算出给定观测数据下 $l(\lambda|\boldsymbol{Y})=n\log\lambda-\lambda\sum\limits_{i=1}^{n}Y_i$ 的条件期望. 可以最大化 (4.37) 式给出的结果以提供普通的 EM 更新,

$$\lambda^{(t+1)}=\frac{n}{\sum\limits_{i=1}^{n}x_i\delta_i+C/\lambda^{(t)}}. \tag{4.49}$$

MCEM 的应用也很简单. 在本案例中,

$$\hat{Q}^{(t+1)}(\lambda|\lambda^{(t)})=n\log\lambda-\frac{\lambda}{m^{(t)}}\sum_{j=1}^{m^{(t)}}\boldsymbol{Y}_j^{\mathrm{T}}\mathbf{1}, \tag{4.50}$$

其中 $\mathbf{1}$ 是所有元素均为 1 的向量, $\boldsymbol{Y}_j$ 是包含未删失数据和模拟数据 $\boldsymbol{Z}_j=(Z_{j1},\cdots,Z_{jC})$ 的第 j 个补齐的数据集, $Z_{jk}-c_k\sim \text{i.i.d.}\,\text{Exp}(\lambda^{(t)})$, $k=1,\cdots,C$, 是用来代替删失值的. 令 $\hat{Q}'(\lambda|\lambda^{(t)})=0$ 且对 λ 求解得到

$$\lambda^{(t+1)}=\frac{n}{\sum_{j=1}^{m^{(t)}}\boldsymbol{Y}_j^{\mathrm{T}}\mathbf{1}/m^{(t)}} \tag{4.51}$$

作为 MCEM 的更新.

本书的网站提供了 $n=30$ 个观测, 包括 $C=17$ 个删失观测. 图 4.2 对比了用这些数据估计 λ 的 MCEM 和普通 EM 的表现. 两种方法都容易求得极大似然估计 $\hat{\lambda}=0.218\,5$. 对 MCEM, 我们用 $m^{(t)}=5^{1+\lfloor t/10\rfloor}$, 其中 $\lfloor z\rfloor$ 表示 z 的整数部分. 一共用了 50 步迭代. 两种算法的初始值均为 $\lambda^{(0)}=0.504\,2$, 它是无视删失的所有 30 个数据值的均值. □

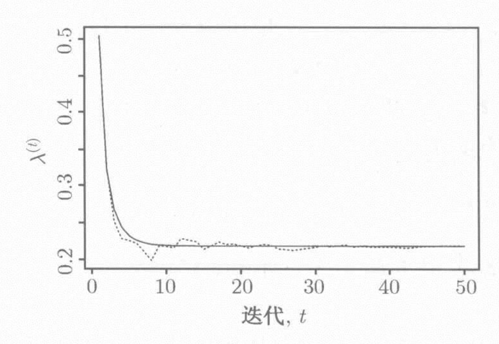


图 4.2　例 4.7 中讨论的删失的指数数据的 EM(实线) 和 MCEM(虚线) 的迭代比较

4.3.2　改进 M 步

EM 算法的吸引力之一在于 $Q(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 的求导和最大化通常比不完全数据极大似然的计算简单, 这是因为 $Q(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 与完全数据似然有关. 然而, 在某些情况下, 即使导出 $Q(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 的 E 步是直接了当的, M 步也不容易实施. 为此人们提出了多种策略以便于 M 步的实施.

1. ECM 算法

Meng 和 Rubin 的 ECM 算法是用一系列计算较简单的条件极大化 (CM) 步骤代替 M 步 [385]. 每次条件极大化均被设计为一个简单的优化问题, 该优化问题把 $\boldsymbol{\theta}$ 限制在某特殊子空间而且容许解析解或非常初等的数值解.

我们称第 t 个 E 步后的较简单 CM 步的集合为一个 CM 循环. 因此, ECM 的第 t 次迭代包括第 t 个 E 步和第 t 次 CM 循环. 令 S 表示每个 CM 循环里 CM 步

的数目. 对 $s=1,\cdots,S$, 第 t 次循环里第 s 个 CM 步需要在约束

$$\boldsymbol{g}_s(\boldsymbol{\theta}) = \boldsymbol{g}_s(\boldsymbol{\theta}^{(t+(s-1)/S)}) \tag{4.52}$$

下最大化 $Q(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$, 其中 $\boldsymbol{\theta}^{(t+(s-1)/S)}$ 是在当前循环的第 $(s-1)$ 个 CM 步中求得的极大值点. 当 S 个 CM 步的整个循环完成时, 我们令 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)} = \boldsymbol{\theta}^{(t+S/S)}$ 并进行第 $(t+1)$ 次迭代的 E 步.

显然任一 ECM 都是一个 GEM 算法 (4.2.1 节), 因为每个 CM 步都使 Q 增大. 为了保证 ECM 收敛, 我们需要确保每次 CM 循环都可以在任意方向搜索 $Q(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 的最大值点, 这样 ECM 可在 $\boldsymbol{\theta}$ 的原始参数空间上而不是在某子空间上有效地最大化. 精确条件的讨论见 [383, 385]; 这种方法的推广包括 [356, 387].

构造有效 ECM 算法的技巧在于巧妙地选择约束条件. 通常, 可自然地把 $\boldsymbol{\theta}$ 分成 S 个子向量 $\boldsymbol{\theta} = (\boldsymbol{\theta}_1,\cdots,\boldsymbol{\theta}_S)$. 然后在第 s 个 CM 步中, 我们可以固定 $\boldsymbol{\theta}$ 其余的元素而关于 $\boldsymbol{\theta}_s$ 寻求最大化 Q. 这等同于用函数 $g_s(\boldsymbol{\theta}) = (\boldsymbol{\theta}_1,\cdots,\boldsymbol{\theta}_{s-1},\boldsymbol{\theta}_{s+1},\cdots,\boldsymbol{\theta}_S)$ 导出的约束条件. 这种最大化策略以前称之为迭代条件模式[30]. 如果是通过寻找得分函数的根得到条件极大值, CM 循环也可以看成 Gauss-Seidel 迭代 (见 2.2.4 节).

另外, 第 s 个 CM 步也可以在固定 $\boldsymbol{\theta}_s$ 下关于 $\boldsymbol{\theta}$ 的其他元素最大化 Q. 在这种情况下, $g_s(\boldsymbol{\theta}) = \boldsymbol{\theta}_s$. 也可根据特定的问题背景想象其他的约束体系. ECM 的一种变型是在每两个 CM 步之间插入一个 E 步, 由此在 CM 循环的每一个阶段均更新了 Q.

例 4.8 (带缺失值的多元回归) Meng 和 Rubin[385] 给出了一个特别有启发性的例子, 这个例子涉及带缺失值的多元回归. 设 $\boldsymbol{U}_1,\cdots,\boldsymbol{U}_n$ 是从 d- 维正态模型

$$\boldsymbol{U}_i \sim N_d(\boldsymbol{\mu}_i, \boldsymbol{\Sigma}) \tag{4.53}$$

观测的 n 个独立的 d- 维向量, 其中 $\boldsymbol{U}_i = (U_{i1},\cdots,U_{id})$ 且 $\boldsymbol{\mu}_i = \boldsymbol{V}_i\boldsymbol{\beta}$, 这里 $\boldsymbol{V}_i$ 是已知的 $d\times p$ 设计矩阵, $\boldsymbol{\beta}$ 是 p 个未知参数的一个向量, $\boldsymbol{\Sigma}$ 是一个 $d\times d$ 的未知方差–协方差阵. 很多情形下 $\boldsymbol{\Sigma}$ 具有某种有意义的结构, 但为简单起见我们认为 $\boldsymbol{\Sigma}$ 是没有特定结构的. 假定某些 $\boldsymbol{U}_i$ 的某些元素是缺失的.

先将 $\boldsymbol{U}_i$ 和 $\boldsymbol{\mu}_i$ 的元素以及 $\boldsymbol{V}_i$ 的行重新排序, 以使对每个 i, $\boldsymbol{U}_i$ 中观测到的元素在前未观测到的元素在后. 对每个 $\boldsymbol{U}_i$, 用 $\boldsymbol{\beta}_i$ 和 $\boldsymbol{\Sigma}_i$ 表示相应的参数重排. 因此 $\boldsymbol{\beta}_i$ 和 $\boldsymbol{\Sigma}_i$ 是由 $\boldsymbol{\beta}$, $\boldsymbol{\Sigma}$ 和缺失数据的类型完全确定的.

这种符号上的重排使得我们可以记 $\boldsymbol{U}_i = (\boldsymbol{U}_{\text{obs},i}, \boldsymbol{U}_{\text{miss},i})$, $\boldsymbol{\mu}_i = (\boldsymbol{\mu}_{\text{obs},i}, \boldsymbol{\mu}_{\text{miss},i})$ 及

$$\boldsymbol{\Sigma}_i = \begin{pmatrix} \boldsymbol{\Sigma}_{\text{obs},i} & \boldsymbol{\Sigma}_{\text{cross},i} \\ \boldsymbol{\Sigma}_{\text{cross},i}^{\text{T}} & \boldsymbol{\Sigma}_{\text{miss},i} \end{pmatrix}. \tag{4.54}$$

观测数据的全集可以表示成 $\boldsymbol{U}_{\text{obs}} = (\boldsymbol{U}_{\text{obs},1},\cdots,\boldsymbol{U}_{\text{obs},n})$.

在相差一个可加常数下, 观测数据对数似然函数为

$$l(\boldsymbol{\beta},\boldsymbol{\Sigma}|\boldsymbol{u}_{\text{obs}}) = -\frac{1}{2}\sum_{i=1}^{n}\log|\boldsymbol{\Sigma}_{\text{obs},i}| - \frac{1}{2}\sum_{i=1}^{n}(\boldsymbol{u}_{\text{obs},i}-\boldsymbol{\mu}_{\text{obs},i})^{\text{T}}\boldsymbol{\Sigma}_{\text{obs},i}^{-1}(\boldsymbol{u}_{\text{obs},i}-\boldsymbol{\mu}_{\text{obs},i}).$$

这个似然处理起来及最大化都相当麻烦. 然而注意到完全数据的充分统计量是由 $\sum\limits_{i=1}^{n}U_{ij},\ j=1,\cdots,d$ 和 $\sum\limits_{i=1}^{n}U_{ij}U_{ik},\ j,k=1,\cdots,d$ 给出的. 因此 E 步等价于在观测数据和当前参数 $\boldsymbol{\beta}^{(t)},\ \boldsymbol{\Sigma}^{(t)}$ 条件下求这些充分统计量的期望.

现在对 $j=1,\cdots,d$ 有

$$\text{E}\left\{\sum_{i=1}^{n}U_{ij}\middle|\boldsymbol{u}_{\text{obs}},\boldsymbol{\beta}^{(t)},\boldsymbol{\Sigma}^{(t)}\right\} = \sum_{i=1}^{n}a_{ij}^{(t)}, \tag{4.55}$$

其中

$$a_{ij}^{(t)} = \begin{cases}\alpha_{ij}^{(t)}, & \text{如果 } U_{ij} \text{ 缺失},\\ u_{ij}, & \text{如果观察到 } U_{ij}=u_{ij},\end{cases} \tag{4.56}$$

且 $\alpha_{ij}^{(t)} = \text{E}\{U_{ij}|\boldsymbol{u}_{\text{obs},i},\boldsymbol{\beta}_i^{(t)},\boldsymbol{\Sigma}_i^{(t)}\}$. 类似地, 对 $j,k=1,\cdots,d$ 有

$$\text{E}\left\{\sum_{i=1}^{n}U_{ij}U_{ik}\middle|\boldsymbol{u}_{\text{obs}},\boldsymbol{\beta}^{(t)},\boldsymbol{\Sigma}^{(t)}\right\} = \sum_{i=1}^{n}\left(a_{ij}^{(t)}a_{ik}^{(t)}+b_{ijk}^{(t)}\right), \tag{4.57}$$

其中

$$b_{ijk}^{(t)} = \begin{cases}\gamma_{ijk}^{(t)}, & \text{如果 } U_{ij} \text{ 和 } U_{ik} \text{ 都缺失},\\ 0, & \text{其他},\end{cases} \tag{4.58}$$

且 $\gamma_{ijk}^{(t)} = \text{cov}\{U_{ij},U_{ik}|\boldsymbol{u}_{\text{obs},i},\boldsymbol{\beta}_i^{(t)},\boldsymbol{\Sigma}_i^{(t)}\}$.

幸运的是, $a_{ij}^{(t)}$ 和 $\gamma_{ijk}^{(t)}$ 的推导相当直接. $\boldsymbol{U}_{\text{miss},i}|(\boldsymbol{u}_{\text{obs},i},\boldsymbol{\beta}_i^{(t)},\boldsymbol{\Sigma}_i^{(t)})$ 的条件分布为

$$N\left(\boldsymbol{\mu}_{\text{miss},i}^{(t)}+\boldsymbol{\Sigma}_{\text{cross},i}\boldsymbol{\Sigma}_{\text{miss},i}^{-1}(\boldsymbol{u}_{\text{obs},i}-\boldsymbol{\mu}_{\text{obs},i}^{(t)}),\boldsymbol{\Sigma}_{\text{obs},i}-\boldsymbol{\Sigma}_{\text{cross},i}\boldsymbol{\Sigma}_{\text{miss},i}^{-1}\boldsymbol{\Sigma}_{\text{cross},i}^{\text{T}}\right).$$

$a_{ij}^{(t)}$ 和 $\gamma_{ijk}^{(t)}$ 的值可以从这个分布的均值向量和方差–协方差阵中分别读取. 据此, $Q(\boldsymbol{\beta},\boldsymbol{\Sigma}|\boldsymbol{\beta}^{(t)},\boldsymbol{\Sigma}^{(t)})$ 就可以根据 (4.26) 得出.

这样就完成了 E 步, 我们现在转向讨论 M 步. 无论是直接最大化还是参考指数族分布的知识, 高维参数空间和复杂的观测数据似然都给直接进行 M 步带来了困难. 但是, 在每次 CM 循环中用 $S=2$ 的条件最大化步骤可以直接实施 ECM 策略.

把 $\boldsymbol{\beta}$ 和 $\boldsymbol{\Sigma}$ 分开处理可使得 Q 的约束优化容易进行. 首先, 如果加入约束 $\boldsymbol{\Sigma}=\boldsymbol{\Sigma}^{(t)}$, 那么我们可以用加权最小二乘估计

$$\boldsymbol{\beta}^{(t+1/2)} = \left(\sum_{i=1}^{n}\boldsymbol{V}_i^{\text{T}}\left(\boldsymbol{\Sigma}_i^{(t)}\right)^{-1}\boldsymbol{V}_i\right)^{-1}\left(\sum_{i=1}^{n}\boldsymbol{V}_i^{\text{T}}\left(\boldsymbol{\Sigma}_i^{(t)}\right)^{-1}\boldsymbol{a}_i^{(t)}\right) \tag{4.59}$$

关于 $\boldsymbol{\beta}$ 最大化 $Q(\boldsymbol{\beta},\boldsymbol{\Sigma}|\boldsymbol{\beta}^{(t)},\boldsymbol{\Sigma}^{(t)})$ 的约束形式, 其中 $\boldsymbol{a}_i^{(t)}=(a_{i1}^{(t)},\cdots,a_{id}^{(t)})^{\mathrm{T}}$ 且 $\boldsymbol{\Sigma}_i^{(t)}$ 被当作已知的方差–协方差阵. 这就保证了 $Q(\boldsymbol{\beta}^{(t+1/2)},\boldsymbol{\Sigma}^{(t)}|\boldsymbol{\beta}^{(t)},\boldsymbol{\Sigma}^{(t)})\geqslant Q(\boldsymbol{\beta}^{(t)},\boldsymbol{\Sigma}^{(t)}|\boldsymbol{\beta}^{(t)},\boldsymbol{\Sigma}^{(t)})$. 这构成两个 CM 步的第一步.

第二个 CM 步依据于下面的事实, 即取 $\boldsymbol{\Sigma}^{(t+2/2)}$ 等于

$$\mathrm{E}\left\{\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}(\boldsymbol{U}_i-\boldsymbol{V}_i\boldsymbol{\beta}^{(t+1/2)})(\boldsymbol{U}_i-\boldsymbol{V}_i\boldsymbol{\beta}^{(t+1/2)})^{\mathrm{T}}\middle|\boldsymbol{u}_{\mathrm{obs}},\boldsymbol{\beta}^{(t+1/2)},\boldsymbol{\Sigma}^{(t)}\right\} \tag{4.60}$$

可在约束 $\boldsymbol{\beta}=\boldsymbol{\beta}^{(t+1/2)}$ 下关于 $\boldsymbol{\Sigma}$ 最大化 $Q(\boldsymbol{\beta},\boldsymbol{\Sigma}|\boldsymbol{\beta}^{(t)},\boldsymbol{\Sigma}^{(t)})$, 因为这等同于在必要时插入 $\alpha_{ij}^{(t)}$ 和 $\gamma_{ijk}^{(t)}$ 并计算完全数据的样本协差阵. 这样的改进保证

$$\begin{aligned}Q(\boldsymbol{\beta}^{(t+1/2)},\boldsymbol{\Sigma}^{(t+2/2)}|\boldsymbol{\beta}^{(t)},\boldsymbol{\Sigma}^{(t)})&\geqslant Q(\boldsymbol{\beta}^{(t+1/2)},\boldsymbol{\Sigma}^{(t)}|\boldsymbol{\beta}^{(t)},\boldsymbol{\Sigma}^{(t)})\\&\geqslant Q(\boldsymbol{\beta}^{(t)},\boldsymbol{\Sigma}^{(t)}|\boldsymbol{\beta}^{(t)},\boldsymbol{\Sigma}^{(t)}).\end{aligned} \tag{4.61}$$

将这两个 CM 步合起来有 $(\boldsymbol{\beta}^{(t+1)},\boldsymbol{\Sigma}^{(t+1)})=(\boldsymbol{\beta}^{(t+1/2)},\boldsymbol{\Sigma}^{(t+2/2)})$ 且保证在 Q 函数上有一个增量.

这里描述的 E 步和 CM 循环均可用熟悉的闭式解析结果完成, 而不需要数值积分或最大化. 用上面给出的 CM 循环更新参数以后, 我们回到另一个 E 步, 再继续如此进行. 总之, ECM 在下面二者之间交替进行: (i) 创建更新了的完全数据集和 (ii) 用当前的完全数据成分, 轮流固定 $\boldsymbol{\beta}$ 和 $\boldsymbol{\Sigma}$ 中的某一个为其当前值来序贯估计另一个参数. □

2. EM 梯度算法

如果最大化不能用解析的方法来实现, 那么可以考虑采用一种类似于第 2 章中讨论的迭代优化方法来实施每个 M 步. 这将会产生一个有嵌套迭代循环的算法. ECM 算法在 EM 算法的每次迭代中插入 S 个条件最大化步骤, 这也会产生嵌套迭代.

为避免嵌套循环的计算负担, Lange 提出用单步 Newton 法替代 M 步, 从而可近似取得最大值而不用真正地精确求解 [347]. M 步是用由

$$\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}=\boldsymbol{\theta}^{(t)}-\boldsymbol{Q}''(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})^{-1}\Big|_{\boldsymbol{\theta}=\boldsymbol{\theta}^{(t)}}\boldsymbol{Q}'(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})\Big|_{\boldsymbol{\theta}=\boldsymbol{\theta}^{(t)}} \tag{4.62}$$

$$=\boldsymbol{\theta}^{(t)}-\boldsymbol{Q}''(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})^{-1}\Big|_{\boldsymbol{\theta}=\boldsymbol{\theta}^{(t)}}\boldsymbol{l}'(\boldsymbol{\theta}^{(t)}|\boldsymbol{x}), \tag{4.63}$$

给出的更新替代的, 其中 $\boldsymbol{l}'(\boldsymbol{\theta}^{(t)}|\boldsymbol{x})$ 是当前迭代得分函数的估值. 注意 (4.63) 是由 4.2.3 节第 4 部分中 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 最大化 $Q(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})-l(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})$ 的结论得来的. 这种 EM梯度算法和完全 EM 算法对 $\hat{\boldsymbol{\theta}}$ 有相同的收敛速度. Lange 讨论了保证上升的条件以及用以加速收敛的更新增量的缩放比例. 特别地, 当 $\boldsymbol{Y}$ 是有典则参数 $\boldsymbol{\theta}$ 的指数族分布时, 可以保证上升而且此方法与 Titterington[538] 的方法相对应. 在其他情形, 可以

缩小步长以保证上升 (如在 2.2.2 节第 1 部分所讨论). 但是增加步长可以加速收敛. 对有高比例缺失信息的问题, Lange 建议考虑步长加倍 [347].

例 4.9 (椒花蛾, 续) 接例 4.2, 我们对这些数据应用 EM 梯度算法. 可直接得出

$$\frac{\mathrm{d}^2Q(\boldsymbol{p}|\boldsymbol{p}^{(t)})}{\mathrm{d}p_{\mathrm{C}}^2}=-\frac{2n_{\mathrm{CC}}^{(t)}+n_{\mathrm{CI}}^{(t)}+n_{\mathrm{CT}}^{(t)}}{p_{\mathrm{C}}^2}-\frac{2n_{\mathrm{TT}}^{(t)}+n_{\mathrm{CT}}^{(t)}+n_{\mathrm{IT}}^{(t)}}{(1-p_{\mathrm{C}}-p_{\mathrm{I}})^2}, \tag{4.64}$$

$$\frac{\mathrm{d}^2Q(\boldsymbol{p}|\boldsymbol{p}^{(t)})}{\mathrm{d}p_{\mathrm{I}}^2}=-\frac{2n_{\mathrm{II}}^{(t)}+n_{\mathrm{IT}}^{(t)}+n_{\mathrm{CI}}^{(t)}}{p_{\mathrm{I}}^2}-\frac{2n_{\mathrm{TT}}^{(t)}+n_{\mathrm{CT}}^{(t)}+n_{\mathrm{IT}}^{(t)}}{(1-p_{\mathrm{C}}-p_{\mathrm{I}})^2}, \tag{4.65}$$

$$\frac{\mathrm{d}^2Q(\boldsymbol{p}|\boldsymbol{p}^{(t)})}{\mathrm{d}p_{\mathrm{C}}\mathrm{d}p_{\mathrm{I}}}=-\frac{2n_{\mathrm{TT}}^{(t)}+n_{\mathrm{CT}}^{(t)}+n_{\mathrm{IT}}^{(t)}}{(1-p_{\mathrm{C}}-p_{\mathrm{I}})^2}. \tag{4.66}$$

图 4.3 显示了从 $p_{\mathrm{C}}=p_{\mathrm{I}}=p_{\mathrm{T}}=1/3$ 开始的 EM 梯度算法的步骤. 步长减半以保证上升. 第一步的方向多少有些错误, 但在后续迭代中梯度步骤很直接地上升. 此图也给出了普通 EM 步骤以作对比. □

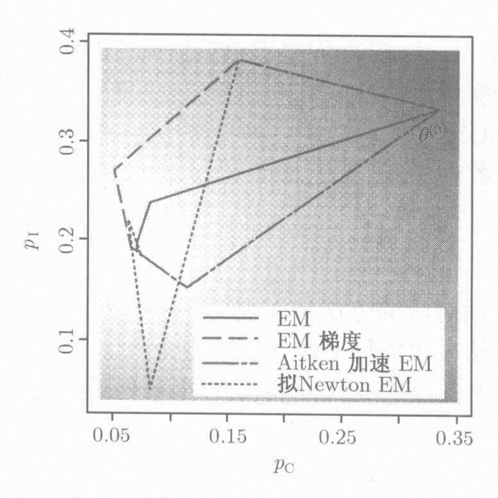


图 4.3 EM 梯度算法 (长划线) 采用的步骤. 普通的 EM 步骤用实线表示. 也给出了后面章节两种方法 (Aitken 和拟 Newton 加速) 的步骤, 见图示. 观测数据的对数似然用灰度显示, 淡阴影对应于高似然. 所有的算法均从 $p_{\mathrm{C}}=p_{\mathrm{I}}=1/3$ 开始

4.3.3 加速方法

EM 算法收敛慢是一个明显的缺点. 现已提出几种方法, 以采用来自 EM 的相对简易的解析结构来得到类 Newton 法步骤的特定形式. 除了下面给出的两种方法, 近期感兴趣的问题是如何巧妙地扩展参数空间以加速收敛而不影响关于 $\boldsymbol{\theta}$ 的边际推断 [360, 387].

1. Aitken 加速

设 $\boldsymbol{\theta}_{\mathrm{EM}}^{(t+1)}$ 是由标准的 EM 算法从 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 得到的下一次迭代. 回顾最大化对数似然的 Newton 更新为

$$\boldsymbol{\theta}^{(t+1)} = \boldsymbol{\theta}^{(t)} - \boldsymbol{l}''(\boldsymbol{\theta}^{(t)}|\boldsymbol{x})^{-1}\boldsymbol{l}'(\boldsymbol{\theta}^{(t)}|\boldsymbol{x}). \tag{4.67}$$

EM 框架建议找一个 $\boldsymbol{l}'(\boldsymbol{\theta}^{(t)}|\boldsymbol{x})$ 的替代. 在 4.2.3 节第 4 部分我们注意到 $\boldsymbol{l}'(\boldsymbol{\theta}^{(t)}|\boldsymbol{x}) = \boldsymbol{Q}'(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})\Big|_{\boldsymbol{\theta}=\boldsymbol{\theta}^{(t)}}$. 将 $\boldsymbol{Q}'$ 在 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 附近展开并代入 $\boldsymbol{\theta}_{\mathrm{EM}}^{(t+1)}$ 得

$$\boldsymbol{Q}'(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})\Big|_{\boldsymbol{\theta}=\boldsymbol{\theta}_{\mathrm{EM}}^{(t+1)}} \approx \boldsymbol{Q}'(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})\Big|_{\boldsymbol{\theta}=\boldsymbol{\theta}^{(t)}} - \hat{\boldsymbol{i}}_{\boldsymbol{Y}}(\boldsymbol{\theta}^{(t)})(\boldsymbol{\theta}_{\mathrm{EM}}^{(t+1)} - \boldsymbol{\theta}^{(t)}), \tag{4.68}$$

其中 $\hat{\boldsymbol{i}}_{\boldsymbol{Y}}(\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 在 (4.31) 中定义. 由于 $\boldsymbol{\theta}_{\mathrm{EM}}^{(t+1)}$ 关于 $\boldsymbol{\theta}$ 最大化了 $\boldsymbol{Q}(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$, (4.68) 的左边等于零. 因此

$$\boldsymbol{Q}'(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})\Big|_{\boldsymbol{\theta}=\boldsymbol{\theta}^{(t)}} \approx \hat{\boldsymbol{i}}_{\boldsymbol{Y}}(\boldsymbol{\theta}^{(t)})(\boldsymbol{\theta}_{\mathrm{EM}}^{(t+1)} - \boldsymbol{\theta}^{(t)}). \tag{4.69}$$

于是由 (4.67) 我们得出

$$\boldsymbol{\theta}^{(t+1)} = \boldsymbol{\theta}^{(t)} - \boldsymbol{l}''(\boldsymbol{\theta}^{(t)}|\boldsymbol{x})^{-1}\hat{\boldsymbol{i}}_{\boldsymbol{Y}}(\boldsymbol{\theta}^{(t)})(\boldsymbol{\theta}_{\mathrm{EM}}^{(t+1)} - \boldsymbol{\theta}^{(t)}). \tag{4.70}$$

这种更新 —— 依赖于 (4.69) 的近似 —— 是称为 Aitken **加速**的一般策略的一个例子, 该法是由 Louis[363] 为 EM 提出的. EM 的 Aitken 加速正好等同于用 Newton-Raphson 方法求 $\Psi(\boldsymbol{\theta}) - \boldsymbol{\theta}$ 的一个零点, 其中 $\boldsymbol{\Psi}$ 是由普通 EM 算法生成 $\boldsymbol{\theta}^{(t+1)} = \Psi(\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 定义的映射.

例 4.10 (椒花蛾, 续) 这种加速方法可以应用到例 4.2 中. 对该问题, 得到 $\boldsymbol{l}''$ 在分析上比其他 EM 方法采用的较简单求导更繁冗. 图 4.3 给出了 Aitken 加速的步骤, 它很快地收敛到解. 这个过程以 $p_{\mathrm{C}} = p_{\mathrm{I}} = p_{\mathrm{T}} = 1/3$ 开始, 采用了减半的步长以保证上升. □

由于其潜在的数值不稳定性和收敛失败, Aitken 加速有时会被人们批评 [133, 301]. 而且, 当 $\boldsymbol{l}''(\boldsymbol{\theta}^{(t)}|\boldsymbol{x})$ 计算困难时, 如果没克服该困难就不能使用此方法 [18, 302, 381].

4.2.1 节指出 EM 算法以依赖于缺失信息分数的线性比率收敛. (4.70) 式给出的更新增量, 泛泛地说, 由完全信息对观测信息的比例决定. 因而, 当较大比例的信息缺失时, 额定的 EM 步长变得更长.

Newton 方法是平方收敛的, 但 (4.69) 式只是当 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 接近 $\hat{\boldsymbol{\theta}}$ 时成为一个精确近似. 因此, 我们只能期望这种加速方法仅在初始迭代充分接近 $\boldsymbol{\theta}$ 时来提高收敛速度. 在用该加速方法之前要取普通 EM 的若干次初始迭代以使 (4.69) 式成立.

2. 拟 Newton 加速

2.2.2 节第 3 部分讨论的拟 Newton 优化方法依据

$$\boldsymbol{\theta}^{(t+1)} = \boldsymbol{\theta}^{(t)} - (\boldsymbol{M}^{(t)})^{-1}\boldsymbol{l}'(\boldsymbol{\theta}^{(t)}|\boldsymbol{x}) \tag{4.71}$$

对关于 $\boldsymbol{\theta}$ 最大化 $\boldsymbol{l}(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})$ 给出了更新, 其中 $\boldsymbol{M}^{(t)}$ 是 $\boldsymbol{l}''(\boldsymbol{\theta}^{(t)}|\boldsymbol{x})$ 的近似. 在 EM 框架下, 我们可以把 $\boldsymbol{l}''(\boldsymbol{\theta}^{(t)}|\boldsymbol{x})$ 分解成一个在 EM 期间计算的部分和一个余项. 通过对 (4.19) 式求二阶导, 我们得出在第 t 步迭代为

$$\boldsymbol{l}''(\boldsymbol{\theta}^{(t)}|\boldsymbol{x}) = \boldsymbol{Q}''(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})\Big|_{\boldsymbol{\theta}=\boldsymbol{\theta}^{(t)}} - \boldsymbol{H}''(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})\Big|_{\boldsymbol{\theta}=\boldsymbol{\theta}^{(t)}}. \tag{4.72}$$

余项是 (4.72) 的最后一项; 假如用 $\boldsymbol{B}^{(t)}$ 近似它, 那么把

$$\boldsymbol{M}^{(t)} = \boldsymbol{Q}''(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})\Big|_{\boldsymbol{\theta}=\boldsymbol{\theta}^{(t)}} - \boldsymbol{B}^{(t)} \tag{4.73}$$

代入 (4.71), 可得到一个拟 Newton EM 加速.

此方法的关键是怎样用 $\boldsymbol{B}^{(t)}$ 近似 $\boldsymbol{H}''(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$. 此处的想法是以 $\boldsymbol{B}^{(0)} = 0$ 为初始值, 并随着迭代的进行逐步积累 $\boldsymbol{H}''$ 的信息. 信息是采用一系列的正割条件来积累的, 正如普通的拟 Newton 方法一样 (2.2.2 节第 3 部分).

特别地, 我们可以要求 $\boldsymbol{B}^{(t)}$ 满足正割条件

$$\boldsymbol{B}^{(t+1)}\boldsymbol{a}^{(t)} = \boldsymbol{b}^{(t)}, \tag{4.74}$$

其中

$$\boldsymbol{a}^{(t)} = \boldsymbol{\theta}^{(t+1)} - \boldsymbol{\theta}^{(t)}, \tag{4.75}$$

且

$$\boldsymbol{b}^{(t)} = \boldsymbol{H}'(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t+1)})\Big|_{\boldsymbol{\theta}=\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}} - \boldsymbol{H}'(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t+1)})\Big|_{\boldsymbol{\theta}=\boldsymbol{\theta}^{(t)}}. \tag{4.76}$$

由更新方程 (2.49), 为满足正割条件我们可以设

$$\boldsymbol{B}^{(t+1)} = \boldsymbol{B}^{(t)} + c^{(t)}\boldsymbol{v}^{(t)}(\boldsymbol{v}^{(t)})^{\mathrm{T}}, \tag{4.77}$$

其中 $\boldsymbol{v}^{(t)} = \boldsymbol{b}^{(t)} - \boldsymbol{B}^{(t)}\boldsymbol{a}^{(t)}$ 且 $c^{(t)} = \frac{1}{(\boldsymbol{v}^{(t)})^{\mathrm{T}}\boldsymbol{a}^{(t)}}$.

Lange 提出了该拟 Newton EM 算法和一些改进其表现的策略 [348]. 首先, 他建议从 $\boldsymbol{B}^{(0)} = 0$ 开始. 注意这意味着第一次增量等于 EM 梯度的增量. 实际上, EM 梯度算法恰是最大化 $Q(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 的 Newton-Raphson 算法, 而这里描述的方法成为最大化 $\boldsymbol{l}(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})$ 的近似 Newton-Raphson 算法.

其次, 如果 $(\boldsymbol{v}^{(t)})^{\mathrm{T}}\boldsymbol{a}^{(t)} = 0$ 或 $(\boldsymbol{v}^{(t)})^{\mathrm{T}}\boldsymbol{a}^{(t)}$ 与 $\|\boldsymbol{v}^{(t)}\|.\|\boldsymbol{a}^{(t)}\|$ 相比很小, 则 Davidon 的改进将不很顺利. 在这种情况下我们可以简单地设 $\boldsymbol{B}^{(t+1)} = \boldsymbol{B}^{(t)}$.

再次, 不能保证 $\boldsymbol{M}^{(t)} = \boldsymbol{Q}''(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})\Big|_{\boldsymbol{\theta}=\boldsymbol{\theta}^{(t)}} - \boldsymbol{B}^{(t)}$ 将是负定的, 该条件确保第 t 步是上升的. 因此, 我们可以按比例缩放 $\boldsymbol{B}^{(t)}$ 且运用 $\boldsymbol{M}^{(t)} = \boldsymbol{Q}''(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})\Big|_{\boldsymbol{\theta}=\boldsymbol{\theta}^{(t)}} - \alpha^{(t)}\boldsymbol{B}^{(t)}$, 其中, 举例来说, 对使得 $\boldsymbol{M}^{(t)}$ 负定的最小正整数 m, $\alpha^{(t)} = 2^{-m}$.

最后, 注意 $\boldsymbol{y}^{(t)}$ 可以完全用 $\boldsymbol{Q}'$ 函数来表示, 因为

$$\boldsymbol{b}^{(t)} = \boldsymbol{H}'(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t+1)})\Big|_{\boldsymbol{\theta}=\boldsymbol{\theta}^{(t+1)}} - \boldsymbol{H}'(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t+1)})\Big|_{\boldsymbol{\theta}=\boldsymbol{\theta}^{(t)}} \tag{4.78}$$

$$= 0 - \boldsymbol{H}'(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t+1)})\Big|_{\boldsymbol{\theta}=\boldsymbol{\theta}^{(t)}} \tag{4.79}$$

$$= \boldsymbol{Q}'(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})\Big|_{\boldsymbol{\theta}=\boldsymbol{\theta}^{(t)}} - \boldsymbol{Q}'(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t+1)})\Big|_{\boldsymbol{\theta}=\boldsymbol{\theta}^{(t)}}. \tag{4.80}$$

等式 (4.79) 由 (4.19) 及 $l(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x}) - \boldsymbol{Q}(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})$ 在 $\boldsymbol{\theta} = \boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 处有最小值这一事实得到. 在该最小值点的导数必为 0, 这就使得 $\boldsymbol{l}'(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x}) = \boldsymbol{Q}'(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{\theta}^{(t)})\Big|_{\boldsymbol{\theta}=\boldsymbol{\theta}^{(t)}}$, 于是得到 (4.80).

例 4.11 (椒花蛾, 续) 用 (4.64)–(4.66) 给出的 $\boldsymbol{Q}''$ 的表达式并从 (4.80) 得到 $\boldsymbol{b}^{(t)}$, 我们可以将拟 Newton 加速法用于例 4.2. 该法从 $p_{\mathrm{C}} = p_{\mathrm{I}} = p_{\mathrm{T}} = 1/3$ 和 $\boldsymbol{B}^{(0)} = \boldsymbol{0}$ 开始, 且步长减半以确保上升.

结果在图 4.3 中给出. 注意 $\boldsymbol{B}^{(0)} = \boldsymbol{0}$ 意味着拟 Newton EM 的第一步与 EM 梯度的第一步相同, 拟 Newton EM 的第二步完全超越了最高似然的岭迹, 导致了几乎没有上升的一步. 一般说来, 拟 Newton EM 过程表现得和其他拟 Newton 法相似: 它们都会有一个超越解或收敛到一个局部极大值点而不是局部极小值点的趋势. 通过合适的预防措施, 此算法在这个例子中快速而有效. □

拟 Newton EM 在第 t 步需要求 $\boldsymbol{M}^{(t)}$ 的逆. Lange 等人描述了一种基于由 $\boldsymbol{M}^{(t)}$ 近似 $-\boldsymbol{l}''(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})$ 的拟 Newton 方法, 此法依赖于逆切更新 [349, 350]. 除避免矩阵求逆的繁冗计算之外, 当 M 步可解时, 对 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 和 $\boldsymbol{B}^{(t)}$ 这样的更新可以完全用 $\boldsymbol{l}'(\boldsymbol{\theta}^{(t)}|\boldsymbol{x})$ 和普通 EM 增量表示.

Jamshidian 和 Jennrich 详细阐述了逆切更新法并讨论了更为复杂的 BFGS 方法 [301]. 他们还给出了对多种 EM 加速算法的实用调查并且比较了这些算法的效果. 在某些例子中, 他们的某些方法比上面给出的方法收敛得更快. 他们在一篇相关的文章中给出了 EM 的共轭梯度加速法 [300].

问　题

4.1 回顾例 4.2 给出的椒花蛾分析. 在田间, 由于翅膀的颜色和斑点的变异, 区分岛屿和典型这两种表型比较困难. 除了这个例子提到的 622 只椒花蛾, 假设科研人员收集的样本实际上包括 $n_{\mathrm{U}} = 578$ 只更多的蛾子, 且已知它们是岛屿或典型但不能确定各自的精确表型.

(a) 由上面给出的已观测数据 $n_{\mathrm{C}}, n_{\mathrm{I}}, n_{\mathrm{T}}$ 和 n_{U}, 对该修正的问题, 导出 $p_{\mathrm{C}}, p_{\mathrm{I}}$ 和 p_{T} 的极大似然估计的 EM 算法.

(b) 应用此算法求出极大似然估计.

(c) 用 SEM 算法估计 $\hat{p}_C$, $\hat{p}_I$ 和 $\hat{p}_T$的标准误及它们两两之间的相关系数.

(d) 用自助法估计 $\hat{p}_C$, $\hat{p}_I$ 和 $\hat{p}_T$的标准误及它们两两之间的相关系数.

(e) 对这些数据实施 EM 梯度算法. 用步长减半的试验以确保上升, 并用其他的步长缩放试验以加速收敛.

(f) 对这些数据实施 Aitken 加速 EM 算法. 使用步长减半.

(g) 对这些数据实施拟 Newton EM 算法. 比较步长减半和步长不减半的表现.

(h) 比较标准 EM 算法和 (e), (f) 和 (g) 中三种变型的有效性和效率. 用步长减半以确定这三种变型是上升的. 针对不同的初始点作比较. 作出类似于图 4.3 的图形.

4.2 流行病学家对研究冒 HIV 感染风险的个体性行为感兴趣. 假设 1 500 名男同性恋者被调查并被询问在过去的 30 天里每人有多少次危险性行为. 令 n_i 表示回答有 i 次危险性行为的人数, 这里 $i = 1, \cdots, 16$. 表 4.2 列出了他们的回答.

表 4.2 回答有相应次数危险性行为的人数; 见问题 4.2

性行为数, i	0	1	2	3	4	5	6	7	8
人数, n_i	379	299	222	145	109	95	73	59	45
性行为数, i	9	10	11	12	13	14	15	16	
人数, n_i	30	24	12	4	2	0	1	1	

Poisson 模型拟合这些数据的效果很差. 假设这些人可以分为三组更为实际. 首先, 有一组人, 无论出于什么原因, 即使是不真实的, 仍回答了有 0 次危险行为. 假定个体属于这一组的概率为 α.

个体属于第二组的概率为 β, 他们声称有典型的行为. 这些人的回答是真实的, 且假定他们进行危险行为的次数服从参数为 μ 的 Poisson 分布.

最后, 个体属于高危险组的概率为 $1-\alpha-\beta$. 这些人的回答是真实的, 且他们进行危险性行为的次数服从参数为 λ 的 Poisson 分布.

模型的参数为 α, β, μ 和 λ. 在 EM 的第 t 次迭代中, 我们用 $\boldsymbol{\theta}^{(t)} = (\alpha^{(t)}, \beta^{(t)}, \mu^{(t)}, \lambda^{(t)})$ 表示当前参数值. 观测数据的似然为

$$L(\boldsymbol{\theta}|n_0, \cdots, n_{16}) \propto \prod_{i=0}^{16} [\pi_i(\boldsymbol{\theta})/i!]^{n_i}, \tag{4.81}$$

其中对 $i = 1, \cdots, 16$,

$$\pi_i(\boldsymbol{\theta}) = \alpha 1_{\{i=0\}} + \beta\mu^i \exp\{-\mu\} + (1-\alpha-\beta)\lambda^i \exp\{-\lambda\}. \tag{4.82}$$

观测到的数据为 $n_0, \cdots, n_{16}$. 完全数据可以分析为 $n_{z,0}, n_{t,0}, \cdots, n_{t,16}$ 和 $n_{p,0}, \cdots, n_{p,16}$, 其中 $n_{k,i}$ 表示在第 k 组中回答有 i 次危险性行为的人数且 $k = z, t$ 和 p 分别对应 0 组、典型组和性乱交组. 因而 $n_0 = n_{z,0}+n_{t,0}+n_{p,0}$ 且对 $i = 1, \cdots, 16$, $n_i = n_{t,i}+n_{p,i}$. 令 $N = \sum_{i=0}^{16} n_i = 1\ 500$.

对 $i=0,1,\cdots,16$, 定义

$$z_0(\boldsymbol{\theta})=\frac{\alpha}{\pi_0(\boldsymbol{\theta})}, \tag{4.83}$$

$$t_i(\boldsymbol{\theta})=\frac{\beta\mu^i\exp\{-\mu\}}{\pi_i(\boldsymbol{\theta})}, \tag{4.84}$$

$$p_i(\boldsymbol{\theta})=\frac{(1-\alpha-\beta)\lambda^i\exp\{-\lambda\}}{\pi_i(\boldsymbol{\theta})}. \tag{4.85}$$

他们对应于有 i 次危险性行为的人属于各组的概率.

(a) 说明 EM 算法可给出如下更新:

$$\alpha^{(t+1)}=n_0z_0(\boldsymbol{\theta}^{(t)})/N, \tag{4.86}$$

$$\beta^{(t+1)}=\sum_{i=0}^{16}n_it_i(\boldsymbol{\theta}^{(t)})/N, \tag{4.87}$$

$$\mu^{(t+1)}=\frac{\sum\limits_{i=0}^{16}in_it_i(\boldsymbol{\theta}^{(t)})}{\sum\limits_{i=0}^{16}n_it_i(\boldsymbol{\theta}^{(t)})}, \tag{4.88}$$

$$\lambda^{(t+1)}=\frac{\sum\limits_{i=0}^{16}in_ip_i(\boldsymbol{\theta}^{(t)})}{\sum\limits_{i=0}^{16}n_ip_i(\boldsymbol{\theta}^{(t)})}. \tag{4.89}$$

(b) 由观测数据估计模型的参数.

(c) 用任一可用的方法估计所估参数的标准误和它们两两之间的相关系数.

4.3 本书的网站里有从 $N_3(\boldsymbol{\mu},\boldsymbol{\Sigma})$ 分布抽取的 50 个三维数据点. 某些数据点在一个分量或多个分量上有缺失值. 50 个观测值里只有 27 个是完全的.

(a) 导出 $\boldsymbol{\mu}$ 和 $\boldsymbol{\Sigma}$ 联合极大似然估计的 EM 算法. 最容易想到的是多元正态密度属于指数族.

(b) 由合适的初始点确定它们的极大似然估计. 考查这个算法的表现, 并评价所得结果.

(c) 当

$$\boldsymbol{\Sigma}=\begin{pmatrix}1&0.6&1.2\\0.6&0.5&0.5\\1.2&0.5&3.0\end{pmatrix}$$

已知时, 考虑 $\boldsymbol{\mu}$ 的 Bayes 推断. 假设 $\boldsymbol{\mu}$ 的三个元素有独立的先验. 特别地, 设第 j 个先验为

$$f(\mu_j)=\frac{\exp\{-(\mu_j-\alpha_j)/\beta_j\}}{\beta_j[1+\exp\{-(\mu_j-\alpha_j)/\beta_j\}]^2},$$

其中 $(\alpha_1,\alpha_2,\alpha_3)=(2,4,6)$ 且对 $j=1,2,3$, $\beta_j=2$. 评论一下在实施标准 EM 算法估计 $\boldsymbol{\mu}$ 的后验众数中可能会遇到的困难. 实施梯度 EM 算法, 并评估它的表现.

(d) 假定 (c) 中的 $\boldsymbol{\Sigma}$ 未知且采用了不恰当的均匀先验, 即: 对所有的正定阵 $\boldsymbol{\Sigma}$ 都有 $f(\boldsymbol{\Sigma})\propto 1$. 讨论怎样估计 $\boldsymbol{\mu}$ 和 $\boldsymbol{\Sigma}$ 的后验众数.

4.4 假定我们观测了某采矿设备中的 14 个齿轮联轴器的寿命, 如表 4.3 所示 (以年记). 这些数据中有一部分是右删失的, 因为在齿轮联轴器坏掉之前该设备就被换下了. 这些删失数据用括号括了起来, 这些元件的真实寿命可以看成是缺失的.

表 4.3 采矿设备的 14 个齿轮联轴器的寿命, 以年记. 右删失数据用括号括了起来. 在这些情形, 我们知道其寿命至少与给出的值一样长

(6.94)	5.50	4.54	2.14	(3.65)	(3.40)	(4.38)
10.24	4.56	9.42	(4.55)	(4.15)	5.64	(10.23)

用密度函数为 $f(x) = abx^{b-1}\exp\{-ax^b\}(x>0)$ 且参数为 a 和 b 的 Weibull 分布对这些数据建模. 第 2 章的问题 2.3 曾对这类模型给出了更多的细节. 构造一个 EM 算法来估计 a 和 b. 因为 Q 函数包含不可解析求出的期望, 有必要时采用 MCEM 策略. 而且, Q 的优化不会是完全可解析的. 因此必要时结合对各参数条件最大化的 ECM 策略, 并运用一维的类 Newton 优化. 过去的观测表明 $(a,b)=(0.003, 2.5)$ 是一个合适的初始点. 讨论你推导的过程的收敛性和得到的结果. 与采用二元拟 Newton 方法直接最大化观测数据的似然相比, 你的方法的优缺点是什么?

4.5 隐马尔可夫模型 (HMM) 可以用来描述一个未观测 (隐性) 的离散状态变量的序列 $\boldsymbol{H}=(H_0,\cdots,H_n)$ 和一个与之对应的观测变量的序列 $\boldsymbol{O}=(O_0,\cdots,O_n)$ 的联合概率, 其中对每个 i, O_i 依赖于 H_i. 我们称 H_i 发射 O_i; 这里只考虑离散的发射变量. 假设 $\boldsymbol{H}$ 和 $\boldsymbol{O}$ 的元素的状态空间分别为 $\mathcal{H}$ 和 $\mathcal{E}$.

令 $\boldsymbol{O}_{\leqslant j}$ 和 $\boldsymbol{O}_{>j}$ 分别表示 $\boldsymbol{O}$ 中下标不超过 j 和超过 j 的部分, 对 $\boldsymbol{H}$ 也定义类似的部分序列. 在 HMM 模型下, H_i 有马氏性

$$P[H_i|\boldsymbol{H}_{\leqslant i-1}, O_0] = P[H_i|H_{i-1}], \tag{4.90}$$

且发射变量是条件独立的, 因此

$$P[O_i|\boldsymbol{H}, \boldsymbol{O}_{\leqslant i-1}, \boldsymbol{O}_{>i}] = P[O_i|H_i]. \tag{4.91}$$

隐性状态之间的时间齐性转移取决于转移概率 $p(h,h^*) = P[H_{i+1}=h^*|H_i=h]$, 其中 $h,h^*\in\mathcal{H}$. H_0 的分布被 $\pi(h)=P[H_0=h]$ 参数表示, 其中 $h\in\mathcal{H}$. 最后, 定义发射概率 $e(h,o)=P[O_i=o|H_i=h]$, 其中 $h\in\mathcal{H}$ 且 $o\in\mathcal{E}$. 那么参数集 $\boldsymbol{\theta}=(\boldsymbol{\pi},\boldsymbol{P},\boldsymbol{E})$ 完全地参数化了此模型, 其中 $\boldsymbol{\pi}$ 是初始状态概率向量, $\boldsymbol{P}$ 是转移概率阵, $\boldsymbol{E}$ 是发射概率阵.

对一观测的序列 $\boldsymbol{o}$, 定义前进变量

$$\alpha(i,h) = P[\boldsymbol{O}_{\leqslant i}=\boldsymbol{o}_{\leqslant i}, H_i=h] \tag{4.92}$$

和后退变量

$$\beta(i,h) = P[\boldsymbol{O}_{>i}=\boldsymbol{o}_{>i}|H_i=h] \tag{4.93}$$

其中 $i=1,\cdots,n$ 且 $h\in\mathcal{H}$. 我们的记号隐去了前进变量和后退变量对 $\boldsymbol{\theta}$ 的依赖. 注意

$$P[\boldsymbol{O}=\boldsymbol{o}|\boldsymbol{\theta}] = \sum_{h\in\mathcal{H}}\alpha(n,h) = \sum_{h\in\mathcal{H}}\pi(h)e(h,o_0)\beta(0,h). \tag{4.94}$$

根据 $P[H_i = h|\boldsymbol{O} = \boldsymbol{o}, \boldsymbol{\theta}] = \sum_{h\in\mathcal{H}} \alpha(i,h)\beta(i,h)/P[\boldsymbol{O} = \boldsymbol{o}|\boldsymbol{\theta}]$, 前进变量和后退变量对计算给定 $\boldsymbol{O} = \boldsymbol{o}$ 时状态 h 出现在序列第 i 个位置的概率, 以及关于这些概率的状态函数的期望也是有用的.

(a) 说明下面的算法可以用来计算 $\alpha(i,h)$ 和 $\beta(i,h)$.

前进算法为

- 初始化 $\alpha(0,h) = \pi(h)e(h,o_0)$.
- 对 $i = 0,\cdots,n-1$, 令 $\alpha(i+1,h) = \sum_{h^*\in\mathcal{H}} \alpha(i,h^*)p(h^*,h)e(h,o_{i+1})$.

后退算法为

- 初始化 $\beta(n,h) = 1$.
- 对 $i = n,\cdots,1$, 令 $\beta(i-1,h) = \sum_{h^*\in\mathcal{H}} p(h,h^*)e(h^*,o_i)\beta(h,i)$.

与盲目地在所有可能的状态序列上求和相比, 这些算法为求 $P[\boldsymbol{O} = \boldsymbol{o}|\boldsymbol{\theta}]$ 和其他有用的概率提供了非常有效的方法.

(b) 设 $N(h)$ 表示 $H_0 = h$ 的次数, $N(h,h^*)$ 表示从 h 转移到 h^* 的次数, 并设 $N(h,o)$ 表示当前状态为 h 时 o 的发射数. 证明这些随机变量有如下期望:

$$\mathrm{E}\{N(h)\} = \frac{\alpha(0,h)\beta(0,h)}{P[\boldsymbol{O} = \boldsymbol{o}|\boldsymbol{\theta}]}, \tag{4.95}$$

$$\mathrm{E}\{N(h,h^*)\} = \sum_{i=0}^{n-1} \frac{\alpha(i,h)p(h,h^*)e(h^*,o_{i+1})\beta(i+1,h^*)}{P[\boldsymbol{O} = \boldsymbol{o}|\boldsymbol{\theta}]}, \tag{4.96}$$

$$\mathrm{E}\{N(h,o)\} = \sum_{i:O_i=o} \frac{\alpha(i,h)\beta(i,h)}{P[\boldsymbol{O} = \boldsymbol{o}|\boldsymbol{\theta}]}. \tag{4.97}$$

(c) Baum–Welch 算法能有效地估计 HMM 模型的参数 [22]. 拟合这类模型已被证实在不同的应用中相当有效, 这些应用包括统计遗传学、信号处理、语音识别、涉及环境时间序列的问题以及 Bayes 图网络 [149, 207, 317, 342, 441]. 由某初值 $\boldsymbol{\theta}^{(0)}$ 开始, Baum–Welch 算法可通过迭代应用如下更新公式进行:

$$\pi(h)^{(t+1)} = \frac{\mathrm{E}\{N(h)|\boldsymbol{\theta}^{(t)}\}}{\sum_{h^*\in\mathcal{H}} \mathrm{E}\{N(h^*)|\boldsymbol{\theta}^{(t)}\}}, \tag{4.98}$$

$$p(h,h^*)^{(t+1)} = \frac{\mathrm{E}\{N(h,h^*)|\boldsymbol{\theta}^{(t)}\}}{\sum_{h^{**}\in\mathcal{H}} \mathrm{E}\{N(h,h^{**})|\boldsymbol{\theta}^{(t)}\}}, \tag{4.99}$$

$$e(h,o)^{(t+1)} = \frac{\mathrm{E}\{N(h,o)|\boldsymbol{\theta}^{(t)}\}}{\sum_{o^*\in\mathcal{E}} \mathrm{E}\{N(h,o^*)|\boldsymbol{\theta}^{(t)}\}}. \tag{4.100}$$

证明 Baum–Welch 算法是一种 EM 算法. 开始前值得注意到完全数据似然是由下式给出的

$$\prod_{h\in\mathcal{H}} \pi(h)^{N(h)} \prod_{h\in\mathcal{H}} \prod_{o\in\mathcal{E}} e(h,o)^{N(h,o)} \prod_{h\in\mathcal{H}} \prod_{h^*\in\mathcal{H}} p(h,h^*)^{N(h,h^*)}. \tag{4.101}$$

(d) 考虑如下情形. Flip 的左口袋里有一枚一分硬币, 右口袋里有一枚一角硬币. 在公平投掷时, 一分硬币和一角硬币正面朝上的概率分别为 p 和 d. Flip 随机地选出一枚硬币投掷, 并报出结果 (正面或反面) 但不透露投掷的是哪枚硬币. 然后 Flip 决定是用这枚硬币继续投掷还是换一枚硬币投掷. 他改变硬币的概率为 s, 保留这枚硬币的概率为 $1-s$. 他报出第二次投掷的结果, 仍然不透露投掷的是哪枚硬币. 继续该过程, 总共进行 200 次投币. 产生的正面和反面的序列可在本书的网站上找到. 用 Baum–Welch 算法估计 p, d, s.

(e) 仅供喜欢额外挑战的学生思考: 对数据集是由某 HMM 产生的 M 个独立观测序列组成的情形, 推导 Baum–Welch 算法. 依据上面硬币的例子模拟这样的数据. (你可能想模拟单列数据, 这些数据可由 $p=0.25$, $d=0.85$ 和 $s=0.1$ 模拟得到). 编制 Baum–Welch 算法的程序, 并用你模拟的数据进行测试.

除考虑多重序列外, 为得到基于更一般的发射变量和有更复杂参数设置 (包括时间非齐次) 的发射和转移概率之上的估计, HMM 模型和 Baum–Welch 算法可加以推广.

第5章 数值积分

考虑形如 $\int_a^b f(x)\mathrm{d}x$ 的一维积分. 只有少数函数 f 的积分值能解析得到. 对其余的大部分函数, 积分的数值近似常是有用的. 近似方法已为数值分析家 [120, 310, 328, 436] 和统计学家 [349, 534] 所熟知.

由于后验分布可能不属于一个熟悉的分布族, Bayes 推断经常需要积分的近似. 在某些极大似然推断问题中, 当似然本身是一个或多个积分的函数时, 积分近似也很有用. 如在下面的例 5.1 中所讨论的, 当拟合广义线性混合模型时就会出现这样的例子.

为得到 $\int_a^b f(x)\mathrm{d}x$ 的一个近似值, 将区间 $[a,b]$ 划分为 n 个子区间 $[x_i, x_{i+1}]$, $i=0,\cdots,n-1$, 其中 $x_0=a, x_n=b$. 于是 $\int_a^b f(x)\mathrm{d}x = \sum_{i=0}^{n-1}\int_{x_i}^{x_{i+1}} f(x)\mathrm{d}x$. 这种**复化法则**将整个积分分为许多更小的部分, 但推迟了解决怎样近似任一单个部分的问题.

单个部分的近似值用一个**简单法则**得到. 在区间 $[x_i, x_{i+1}]$ 中插入 $m+1$ 个节点 x_{ij}^*, $j=0,\cdots,m$. 图 5.1 说明了区间 $[a,b]$ 与子区间以及节点的关系. 一般来说, 数值积分方法既不需要子区间或节点等距也不需要在各子区间内有相同的节点数.

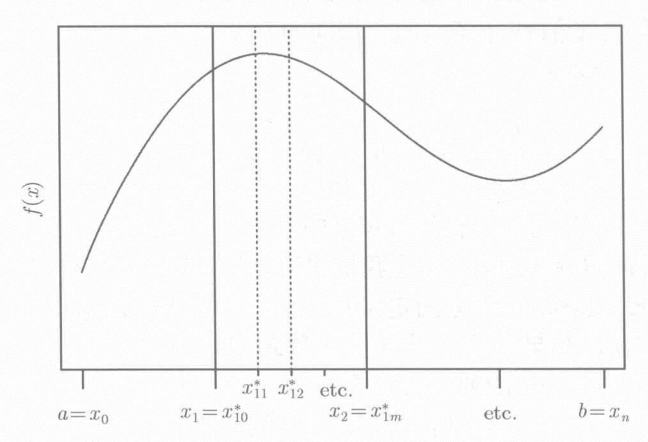


图 5.1 在 a 和 b 之间对 f 积分, 区间分成 n 个子区间 $[x_i, x_{i+1}]$, 每一个被 $m+1$ 个节点 $x_{i0}^*,\cdots,x_{im}^*$ 进一步划分. 注意到当 $m=0$ 时, 子区间 $[x_i, x_{i+1}]$ 只包含一个内点 $x_{i0}^*=x_i$

简单法则依赖于近似

$$\int_{x_i}^{x_{i+1}} f(x)\mathrm{d}x \approx \sum_{j=0}^{m} A_{ij} f(x_{ij}^*) \tag{5.1}$$

对常数 A_{ij} 的某集合成立. 这样一来, 总积分就可按照复化法则将所有子区间上的 (5.1) 式求和来近似.

5.1　Newton-Côtes 求积

Newton-Côtes 法则是一类简单而灵活的积分方法. 在该情形, 节点在 $[x_i, x_{i+1}]$ 内等距, 并且在每个子区间内采用相同数目的节点. Newton-Côtes 方法在各子区间上用多项式近似代替实际的被积函数. 选取常数 A_{ij} 使得 $\sum\limits_{j=0}^{m} A_{ij} f(x_{ij}^*)$ 等于某插值多项式在 $[x_i, x_{i+1}]$ 上的积分值, 而该多项式与 f 在该子区间内节点处的值相等. 下面回顾一下常见的 Newton-Côtes 法则.

5.1.1　Riemann 法则

考虑 $m = 0$ 的情形. 假设我们定义 $x_{i0}^* = x_i$, 且 $A_{i0} = x_{i+1} - x_{i0}^*$. 简单 Riemann 法则实际是在每个子区间上用某常函数 $f(x_i)$, 来近似 f, 该常函数的值等于 f 在区间上某点的值. 换句话说,

$$\int_{x_i}^{x_{i+1}} f(x)\mathrm{d}x \approx \int_{x_i}^{x_{i+1}} f(x_i)\mathrm{d}x = (x_{i+1} - x_i) f(x_i). \tag{5.2}$$

复化法则将 n 个这样的项加和就给出区间 $[a, b]$ 上积分的一个近似值.

假设 x_i 等距, 这样每个子区间有相同的长度 $h = (b - a)/n$. 于是我们可以记 $x_i = a + ih$, 且复化法则为

$$\int_{a}^{b} f(x)\mathrm{d}x \approx h \sum_{i=0}^{n-1} f(a + ih) = \widehat{R}(n). \tag{5.3}$$

如图 5.2 所示, 这对应于初等微积分中学过的 Riemann 积分. 此外, 对子区间的左端点并无特别对待: 在 (5.2) 中我们也可以用 $f(x_{i+1})$ 代替 $f(x_i)$.

由可积函数 Riemann 积分的定义知, 当 $n \to \infty$ 时, 由 (5.3) 给出的近似值收敛到积分的真实值. 如果 f 是一个零阶多项式 (即常函数), 那么 f 在每个子区间上是常数, 这时 Riemann 法则是精确的.

当使用复化 Riemann 法则时, 值得对子区间数的一个递增序列 $n_k, k = 1, 2, \cdots$, 计算一列近似值 $\widehat{R}(n_k)$. 那么, $\widehat{R}(n_k)$ 的收敛性可以使用第 2 章讨论的一个绝对或相对收敛准则来监控. 采用 $n_{k+1} = 2n_k$ 是特别有效的, 这样在下一步可将对应于前一步端点的子区间减半. 这就避免了对 f 明显多余的计算.

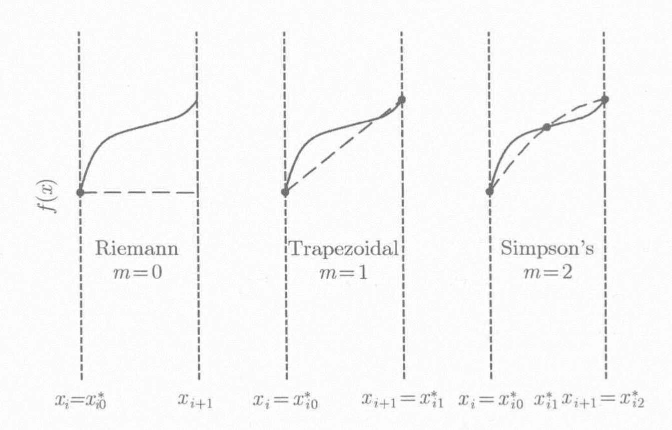


图 5.2 Riemann 法则、梯形法则和 Simpson 法则在子区间 $[x_i, x_{i+1}]$ 上对 f(实线) 的近似(虚线)

例 5.1 (阿尔茨海默 (Alzheimer) 病) 阿尔茨海默病是一种表现为进行性智力衰退特征的疾病. 表 5.1 给出了 22 位阿尔茨海默病人的数据. 在连续五个月中的每个月里, 要求患者回忆先前给出的某标准列表中的单词, 并记录每位患者回忆起的单词数. 表 5.1 中的患者正在接受一项卵磷脂的实验治疗, 这是一种膳食补充. 令人感兴趣的研究是随着时间的推移记忆力能否提高. 这些病人的数据 (以及 25 个控制病例) 可以在本书的网站上找到并在 [134] 中有进一步的讨论.

表 5.1 22 个接受卵磷脂治疗的阿尔茨海默病人连续 5 个月中回忆起的单词数

月	病人										
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1	9	6	13	9	6	11	7	8	3	4	11
2	12	7	18	10	7	11	10	18	3	10	10
3	16	10	14	12	8	12	11	19	3	11	10
4	17	15	21	14	9	14	12	19	7	17	15
5	18	16	21	15	12	16	14	22	8	18	16

月	病人										
	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22
1	1	6	0	18	15	10	6	9	4	4	10
2	3	7	3	18	15	14	6	9	3	13	11
3	2	7	3	19	15	16	7	13	4	13	13
4	4	9	4	22	18	17	9	16	7	16	17
5	5	10	6	22	19	19	10	20	9	19	21

考虑用一个非常简单的广义线性混合模型拟合这些数据 [63, 571]. 令 Y_{ij} 表示第 i 个人在第 j 月回忆起的单词数, $i=1,\cdots,22$, $j=1,\cdots,5$. 假设 $Y_{ij}|\lambda_{ij}$ 服从参数为 λ_{ij} 的独立 Poisson 分布, 其中 Y_{ij} 的均值和方差都是 λ_{ij}. 令 $\boldsymbol{x}_{ij}=(1\ j)^{\mathrm{T}}$ 为

一个协变量向量：除了截矩项外只有月份用作预测变量. 令 $\boldsymbol{\beta}=(\beta_0\ \beta_1)^{\mathrm{T}}$ 为对应于 $\boldsymbol{x}$ 的参数向量. 这样我们得到 Y_{ij} 均值的模型为

$$\lambda_{ij}=\exp\{\boldsymbol{x}_{ij}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{\beta}+\gamma_i\}, \tag{5.4}$$

其中 γ_i 是服从 $N(0,\sigma_\gamma^2)$ 的独立随机效应. 这个模型允许对每个患者来说 λ_{ij} 在对数尺度下有单独的偏移, 这反映了患者之间在单词个数上可能存在本质差异这一假设. 这是合理的, 比如, 如果治疗开始前患者的基本状况变化多样时.

在该模型下, 似然函数为

$$\begin{aligned}L(\boldsymbol{\beta},\sigma_\gamma^2|\boldsymbol{y})&=\prod_{i=1}^{22}\int\left[\phi(\gamma_i;0,\sigma_\gamma^2)\prod_{j=1}^{5}f(y_{ij}|\lambda_{ij})\right]\mathrm{d}\gamma_i\\&=\prod_{i=1}^{22}L_i(\boldsymbol{\beta},\sigma_\gamma^2|\boldsymbol{y}),\end{aligned} \tag{5.5}$$

其中 $f(y_{ij}|\lambda_{ij})$ 是 Poisson 密度, $\phi(\gamma_i;0,\sigma_\gamma^2)$ 是均值为 0, 方差为 σ_γ^2 的正态密度函数, $\boldsymbol{Y}$ 是所有已观测的响应值的一个向量. 因此, 对数似然是

$$l(\boldsymbol{\beta},\sigma_\gamma^2|\boldsymbol{y})=\sum_{i=1}^{22}l_i(\boldsymbol{\beta},\sigma_\gamma^2|\boldsymbol{y}), \tag{5.6}$$

其中 l_i 表示第 i 个患者的数据对对数似然的贡献.

为极大化对数似然, 我们必须将 l 关于每个参数求导并求解相应的得分方程. 由于方程解不能解析得到, 这将需要一个数值求根方法. 在该例中, 我们只看了该整个过程的一小部分：对特别给定的参数值和单个 i 和 k, 如何求解 $\frac{\mathrm{d}l_i}{\mathrm{d}\beta_k}$. 对于在求根过程的每次迭代中试探的参数值, 这种求解将重复进行.

令 $i=1,k=1$. 关于每月变化率参数的偏导为 $\frac{\mathrm{d}l_1}{\mathrm{d}\beta_1}=\frac{\mathrm{d}L_1}{\mathrm{d}\beta_1}/L_1$, 其中 L_1 在 (5.5) 中隐定义. 此外,

$$\begin{aligned}\frac{\mathrm{d}L_1}{\mathrm{d}\beta_1}&=\frac{\mathrm{d}}{\mathrm{d}\beta_1}\int\left[\phi(\gamma_1;0,\sigma_\gamma^2)\prod_{j=1}^{5}f(y_{1j}|\lambda_{1j})\right]\mathrm{d}\gamma_1\\&=\int\frac{\mathrm{d}}{\mathrm{d}\beta_1}\left[\phi(\gamma_1;0,\sigma_\gamma^2)\prod_{j=1}^{5}f(y_{1j}|\lambda_{1j})\right]\mathrm{d}\gamma_1\\&=\int\phi(\gamma_1;0,\sigma_\gamma^2)\left(\sum_{j=1}^{5}j(y_{1j}-\lambda_{1j})\right)\prod_{j=1}^{5}f(y_{1j}|\lambda_{1j})\mathrm{d}\gamma_1,\end{aligned} \tag{5.7}$$

其中 $\lambda_{1j}=\exp\{\beta_0+j\beta_1+\gamma_1\}$. (5.7) 中的最后一个等式来自于广义线性模型的标准分析 [379].

假定, 在优化的最前面一步, 我们从初始值 $\boldsymbol{\beta} = (1.804, 0.165)$ 和 $\sigma_\gamma^2 = 0.015^2$ 开始. 这些开始值是通过简单的探索分析得到的. 用 $\boldsymbol{\beta}$ 和 σ_γ^2 的这些值, 我们在 (5.7) 中寻求的积分有如图 5.3 所示的被积函数. 积分范围是整个实线, 而我们迄今只讨论了闭区间上的积分. 可以采用变换来得到一个在某有限范围上的等价积分 (参见 5.4.1 节), 不过为了方便此处我们在范围 $[-0.07, 0.085]$ 上积分, 因为被积函数的几乎所有不可忽略的值都落在这个范围内.

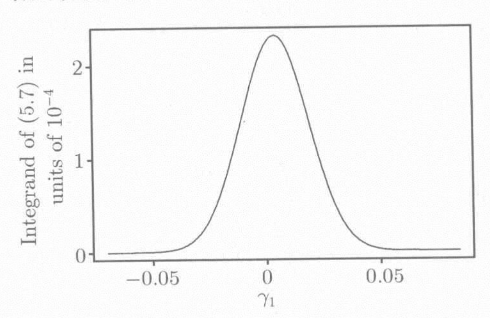


图 5.3 例 5.1 寻求对该函数进行积分, 该函数来自阿尔茨海默病治疗者数据的一个广义线性混合模型

表 5.2 是一系列 Riemann 近似的结果以及运行的相对误差. 相对误差度量了新估计值相对于原估计值的变化率. 当这些误差小于某预先给定的容许阈值时, 迭代近似策略停止. 因为这个积分很小, 故相对收敛准则要比绝对准则更直观. □

表 5.2 使用具有不同子区间数的 Riemann 法则得到的 (5.7) 式积分的估计. 所有的估计值都乘了因子 10^5. 在某相对收敛准则中使用的误差在最后一列给出

子区间数	估 计	相对误差
2	3.493 884 581 867 69	
4	1.887 610 059 597 80	−0.46
8	1.728 903 544 019 71	−0.084
16	1.728 890 467 491 19	−0.000 007 6
32	1.728 890 386 086 21	−0.000 000 047
64	1.728 890 267 840 32	−0.000 000 068
128	1.728 890 184 009 95	−0.000 000 048
256	1.728 890 135 515 48	−0.000 000 028
512	1.728 890 109 597 01	−0.000 000 015
1 024	1.728 890 096 218 30	−0.000 000 007 7

5.1.2 梯形法则

尽管简单 Riemann 法则在 f 是 $[a, b]$ 上的常数时是精确的, 但一般来说该方法收敛到足够精度的速度比较慢. 一个显而易见的改进是用分段 m 阶多项式近似代替分段常数近似.

设基本多项式为

$$p_{ij}(x) = \prod_{k=0,k\neq j}^{m} \frac{x - x_{ik}^*}{x_{ij}^* - x_{ik}^*}, \tag{5.8}$$

其中 $j = 0, \cdots, m$. 则函数 $p_i(x) = \sum_{j=0}^{m} f(x_{ij}^*)p_{ij}(x)$ 是一个 m 阶的多项式并且在 $[x_i, x_{i+1}]$ 内的所有节点 $x_{i0}^*, \cdots, x_{im}^*$ 处插值 f. 图 5.2 显示了 $m = 0, 1, 2$ 时的这种插值多项式.

这些多项式是简单近似

$$\int_{x_i}^{x_{i+1}} f(x)\mathrm{d}x \approx \int_{x_i}^{x_{i+1}} p_i(x)\mathrm{d}x \tag{5.9}$$

$$= \sum_{j=0}^{m} f(x_{ij}^*) \int_{x_i}^{x_{i+1}} p_{ij}(x)\mathrm{d}x \tag{5.10}$$

$$= \sum_{j=0}^{m} A_{ij} f(x_{ij}^*) \tag{5.11}$$

的基础, 其中 $A_{ij} = \int_{x_i}^{x_{i+1}} p_{ij}(x)\mathrm{d}x$. 这种近似方法使用多项式积分代替任意函数 f 的积分, 当每个子区间上有 m 个节点时, 作为结果的复化法则是 $\int_a^b f(x)\mathrm{d}x \approx \sum_{i=0}^{n-1}\sum_{j=0}^{m} A_{ij} f(x_{ij}^*)$.

取 $m = 1, x_{i0}^* = x_i, x_{i1}^* = x_{i+1}$, 就得到了梯形法则. 这时, $p_{i0}(x) = \frac{x-x_{i+1}}{x_i - x_{i+1}}$, $p_{i1}(x) = \frac{x-x_i}{x_{i+1}-x_i}$. 对这些多项式进行积分就得到 $A_{i0} = A_{i1} = (x_{i+1} - x_i)/2$. 因此, 梯形法则等于

$$\int_a^b f(x)\mathrm{d}x \approx \sum_{i=0}^{n-1} \left(\frac{x_{i+1} - x_i}{2}\right)(f(x_i) + f(x_{i+1})). \tag{5.12}$$

当 $[a, b]$ 被均分为长度为 $h = (b - a)/n$ 的 n 个子区间时, 梯形法则估计为

$$\int_a^b f(x)\mathrm{d}x \approx \frac{h}{2} f(a) + h \sum_{i=1}^{n-1} f(a + ih) + \frac{h}{2} f(b) = \widehat{T}(n). \tag{5.13}$$

该近似法名称的由来是因为在每个子区间内 f 之下的面积可由梯形的面积近似得出, 如图 5.2 所示. 注意到 f 在任一子区间内是被一阶多项式 (即一条线段) 近似得到的, 且该多项式在两点处的值等于 f 的值. 因此当 f 本身是 $[a, b]$ 上的一条线段时, $\widehat{T}(n)$ 是精确的.

例 5.2 (阿尔茨海默病, 续) 对子区间数较少的情形, 由于积分范围端点处的被积函数几乎为零, 对例 5.1 的积分应用梯形法则得到了与 Riemann 法则类似的结果; 对子区间数较多的情形, 梯形法则的近似比较好. 结果在表 5.3 中给出. □

表 5.3 使用具有不同子区间数的梯形法则得到的 (5.7) 式积分的估计. 所有的估计值都乘了因子 10^5. 在某相对收敛准则中使用的误差在最后一列给出

子区间数	估 计	相对误差
2	3.493 877 516 947 44	
4	1.887 606 527 137 68	−0.46
8	1.728 901 777 789 65	−0.084
16	1.728 889 584 376 16	−0.000 007 1
32	1.728 889 944 528 69	0.000 000 21
64	1.728 890 047 061 56	0.000 000 059
128	1.728 890 073 620 57	0.000 000 015
256	1.728 890 080 320 79	0.000 000 003 9
512	1.728 890 081 999 67	0.000 000 000 97
1 024	1.728 890 082 419 62	0.000 000 000 24

假设 f 有二阶连续的导数. 问题 5.1 要求证明

$$p_i(x)=f(x_i)+f'(x_i)(x-x_i)+\frac{1}{2}f''(x_i)(x_{i+1}-x_i)(x-x_i)+\mathcal{O}(n^{-3}). \quad (5.14)$$

从 (5.14) 式减去 f 在 x_i 处的 Taylor 展开, 得到

$$p_i(x)-f(x)=\frac{1}{2}f''(x_i)(x-x_i)(x-x_{i+1})+\mathcal{O}(n^{-3}), \quad (5.15)$$

且将 (5.15) 式在 $[x_i,x_{i+1}]$ 上积分表明梯形法则在第 i 个子区间上的近似误差为 $h^3f''(x_i)/12+\mathcal{O}(n^{-4})$. 于是由积分中值定理知

$$\widehat{T}(n)-\int_a^b f(x)\mathrm{d}x=\sum_{i=1}^{n}\left(\frac{h^3f''(x_i)}{12}+\mathcal{O}(n^{-4})\right) \quad (5.16)$$

$$=nh^3f''(\xi)/12+\mathcal{O}(n^{-3}) \quad (5.17)$$

$$=\frac{(b-a)^3f''(\xi)}{12n^2}+\mathcal{O}(n^{-3}) \quad (5.18)$$

对某 $\xi\in[a,b]$ 成立. 因此, 总误差的首项是 $\mathcal{O}(n^{-2})$ 的.

5.1.3 Simpson 法则

在 (5.8) 中取 $m=2, x_{i0}^*=x_i, x_{i1}^*=(x_i+x_{i+1})/2$ 以及 $x_{i2}^*=x_{i+1}$, 我们就得到 Simpson 法则. 问题 5.2 要求证明 $A_{i0}=A_{i2}=(x_{i+1}-x_i)/6$ 且 $A_{i1}=2(A_{i0}+A_{i2})$. 这样得到第 $(i+1)$ 个子区间的近似

$$\int_{x_i}^{x_{i+1}} f(x)\mathrm{d}x\approx\frac{x_{i+1}-x_i}{6}\left[f(x_i)+4f\left(\frac{x_i+x_{i+1}}{2}\right)+f(x_{i+1})\right]. \quad (5.19)$$

图 5.2 显示了 Simpson 法则是如何在每个子区间上对 f 进行二次近似的.

假设区间 $[a,b]$ 被均分为长度为 $h=(b-a)/n$ 的 n 个子区间, 其中 n 为偶数. 为应用 Simpson 法则, 我们需要在每个 $[x_i, x_{i+1}]$ 内有一个内节点. 因为 n 为偶数, 我们可以将两个相邻子区间合并, 取公共端点作为较大区间的内节点. 这样就得到 $n/2$ 个长度为 $2h$ 的子区间, 于是

$$\int_a^b f(x)\mathrm{d}x \approx \frac{h}{3}\sum_{i=1}^{n/2}\Big(f(x_{2i-2})+4f(x_{2i-1})+f(x_{2i})\Big)=\widehat{S}(n/2). \tag{5.20}$$

例 5.3 (阿尔茨海默病, 续)　表 5.4 给出了对例 5.1 的积分应用 Simpson 法则的结果. 在每个子区间上要计算一个端点和一个内节点处的值. 因此对固定的子区间数, Simpson 法则需要的对 f 值的计算量是 Riemann 法则和梯形法则的两倍. 由此例, 我们表明 Simpson 法则的精度足以补偿增加的计算量. 从另一个观点来看, 若对每种方法固定要计算的 f 个数为 n, 如果 n 足够大, 则我们将预期 Simpson 法则要优于前面的方法. □

表 5.4　使用具有不同子区间数的 Simpson 法则得到的 (5.7) 式积分的估计. 所有的估计值都乘了因子 10^5. 在某相对收敛准则中使用的误差在最后一列给出

子区间数	估　计	相对误差
2	1.352 182 863 867 76	
4	1.676 000 194 673 64	0.24
8	1.728 885 519 905 00	0.032
16	1.728 890 064 579 54	0.000 002 6
32	1.728 890 081 239 18	0.000 000 009 6
64	1.728 890 082 473 58	0.000 000 000 71
128	1.728 890 082 554 19	0.000 000 000 047
256	1.728 890 082 559 29	0.000 000 000 002 9
512	1.728 890 082 559 61	0.000 000 000 000 18
1 024	1.728 890 082 559 63	0.000 000 000 000 014

如果 f 在 $[a,b]$ 是二次的, 则它在每个子区间上也是二次的. Simpson 法则在每个子区间上用在三个点上匹配 f 值的二阶多项式近似 f, 因此该多项式就是 f. 于是 Simpson 法则可精确地求二次函数 f 的积分.

假设 f 是光滑的, 但不是多项式, 而且我们有 n 个长度都是 $2h$ 的子区间 $[x_i, x_{i+1}]$. 为评估 Simpson 法则的近似程度, 我们先考虑单个子区间的情况, 将该子区间上 Simpson 法则所得结果记为 $\widehat{S}_i(n)=\frac{h}{3}[f(x_i)+4f(x_i+h)+f(x_i+2h)]$, 积分的真实值记为 I_i.

我们用 f 在 x_i 处的 Taylor 级数展开式在 $x=x_i+h$ 和 $x=x_i+2h$ 处的取值替换 $\widehat{S}_i(n)$ 中的相应项. 合并项后得到

$$\widehat{S}_i(n)=2hf(x_i)+2h^2f'(x_i)+\frac{4}{3}h^3f''(x_i)+\frac{2}{3}h^4f'''(x_i)+\frac{100}{360}h^5f''''(x_i)+\cdots. \tag{5.21}$$

现在令 $F(x) = \int_{x_i}^{x} f(t)\mathrm{d}t$. 该函数有好的性质, 即 $F(x_i) = 0, F(x_i + 2h) = I_i$, $F'(x) = f(x)$. 将 F 在 x_i 处 Taylor 级数展开, 并取 $x = x_i + 2h$, 得到

$$I_i = 2hf(x_i) + 2h^2 f'(x_i) + \frac{4}{3}h^3 f''(x_i) + \frac{2}{3}h^4 f'''(x_i) + \frac{32}{120}h^5 f''''(x_i) + \cdots. \quad (5.22)$$

从 (5.21) 式减去 (5.22) 式得到 $\widehat{S}_i(n) - I_i = h^5 f''''(x_i)/90 + \cdots = \mathcal{O}(n^{-5})$. 这就是 Simpson 法则在单个子区间上的误差. 于是在划分 $[a, b]$ 的 n 个子区间上, 总误差是这些误差的和, 即 $\mathcal{O}(n^{-4})$. 注意到 Simpson 法则因此也可精确求三次函数的积分.

5.1.4 一般的 k 阶法则

前面的讨论提出了一个一般的问题: 怎样确定一种 Newton-Côtes 法则使之对 k 阶多项式是精确的. 这就需要常数 $c_0, \cdots, c_k$ 使得对任意多项式 f 有

$$\int_a^b f(x)\mathrm{d}x = c_0 f(a) + c_1 f\left(a + \frac{b-a}{k}\right) + \cdots + c_i f\left(a + \frac{i(b-a)}{k}\right) + \cdots + c_k f(b). \quad (5.23)$$

当然我们可以对 $m = k$ 参照上面给出的推导求解, 不过有另一种简单的方法. 如果一种方法对所有 k 阶多项式可精确求积分, 那么对一些特别的容易求积分的诸如 $1, x, x^2, \cdots, x^k$ 的选择也必是精确的. 这样, 我们得到 k 个未知量下的 k 个方程的方程组:

$$\begin{aligned}
\int_a^b 1\mathrm{d}x &= b - a = c_0 + \cdots + c_k, \\
\int_a^b x\mathrm{d}x &= \frac{b^2 - a^2}{2} \\
&= c_0 a + c_1\left(a + \frac{b-a}{k}\right) + \cdots + c_k b, \\
&\cdots \\
\int_a^b x^k \mathrm{d}x &= \text{etc.}
\end{aligned}$$

剩下的工作就是求解 c_i 以得到算法. 有时称此方法为*待定系数法*.

5.2 Romberg 积 分

一般来说, 低阶 Newton-Côtes 方法收敛得慢. 不过, 在一系列梯形法则估计之上, 有一种非常有效的方法可提高收敛速度. 令 $\widehat{T}(n)$ 表示采用等长度 $h = (b-a)/n$

的 n 个子区间对 $\int_a^b f(x)\mathrm{d}x$ 的梯形法则估计, 如 (5.13) 所示. 不失一般性, 假设 $a=0, b=1$. 那么

$$\begin{aligned}
\widehat{T}(1) &= \frac{1}{2}f(0)+\frac{1}{2}f(1),\\
\widehat{T}(2) &= \frac{1}{4}f(0)+\frac{1}{2}f(1/2)+\frac{1}{4}f(1),\\
\widehat{T}(4) &= \frac{1}{8}f(0)+\frac{1}{4}[f(1/4)+f(1/2)+f(3/4)]+\frac{1}{8}f(1), \qquad (5.24)
\end{aligned}$$

等等. 注意到

$$\begin{aligned}
\widehat{T}(2) &= \frac{1}{2}\widehat{T}(1)+\frac{1}{2}f(1/2),\\
\widehat{T}(4) &= \frac{1}{2}\widehat{T}(2)+\frac{1}{4}[f(1/4)+f(3/4)], \qquad (5.25)
\end{aligned}$$

等等, 提示一般的递归关系为

$$\widehat{T}(2n)=\frac{1}{2}\widehat{T}(n)+\frac{h}{2}\sum_{i=1}^{n} f(a+(i-1/2)h). \qquad (5.26)$$

使用 Euler-Maclaurin 公式 (1.8) 可知存在常数 c_1 使得

$$\widehat{T}(n)=\int_a^b f(x)\mathrm{d}x+c_1h^2+\mathcal{O}(n^{-4}), \qquad (5.27)$$

于是

$$\widehat{T}(2n)=\int_a^b f(x)\mathrm{d}x+\frac{c_1}{4}h^2+\mathcal{O}(n^{-4}). \qquad (5.28)$$

所以,

$$\frac{4\widehat{T}(2n)-\widehat{T}(n)}{3}=\int_a^b f(x)\mathrm{d}x+\mathcal{O}(n^{-4}), \qquad (5.29)$$

这样 (5.27) 与 (5.28) 的 h^2 误差项抵消了. 经过这种简单的调整, 估计的精度得以大大提高. 事实上, (5.29) 给出的估计值是 Simpson 法则使用宽度为 $\frac{h}{2}$ 的子区间得到的结果. 而且, 这种方法可以迭代使用以得到更好的结果.

首先定义 $\widehat{T}_{i,0}=\widehat{T}(2^i), i=0,\cdots,m$. 然后对 $j=1,\cdots,i$ 和 $i=1,\cdots,m$, 利用关系式

$$\widehat{T}_{i,j}=\frac{4^j\widehat{T}_{i,j-1}-\widehat{T}_{i-1,j-1}}{4^j-1} \qquad (5.30)$$

定义估计值的一个三角形表如下

$$\begin{array}{cccccc}
\widehat{T}_{0,0} & & & & & \\
\widehat{T}_{1,0} & \widehat{T}_{1,1} & & & & \\
\widehat{T}_{2,0} & \widehat{T}_{2,1} & \widehat{T}_{2,2} & & & \\
\widehat{T}_{3,0} & \widehat{T}_{3,1} & \widehat{T}_{3,2} & \widehat{T}_{3,3} & & \\
\widehat{T}_{4,0} & \widehat{T}_{4,1} & \widehat{T}_{4,2} & \widehat{T}_{4,3} & \widehat{T}_{4,4} & \\
\vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \ddots
\end{array}$$

注意 (5.30) 也可重新表达为 $\widehat{T}_{i,j}$ 等于 $\widehat{T}_{i,j-1}$ 加上 $\frac{1}{4^j-1}$ 倍的 $(\widehat{T}_{i,j-1}-\widehat{T}_{i-1,j-1})$.

如果 f 在 $[a,b]$ 上有 $2m$ 阶连续导数, 则上表中第 m 行的元素在 $j \leqslant m$ 时有误差 $\widehat{T}_{m,j}-\int_a^b f(x)\mathrm{d}x=\mathcal{O}(2^{-2mj})$ [103, 328]. 收敛速度如此之快以致于很小的 m 值就可以满足需要.

有必要验证的一点是 Romberg 算法不会随着 m 的增大而变坏. 为此, 考虑商

$$Q_{ij}=\frac{\widehat{T}_{i,j}-\widehat{T}_{i-1,j}}{\widehat{T}_{i+1,j}-\widehat{T}_{i,j}}. \tag{5.31}$$

$\widehat{T}_{i,j}$ 的误差部分归于近似方法本身, 且部分归于计算机舍入导致的数值不精确. 只要前一种来源占主要地位, Q_{ij} 就会随着 i 的增大接近 4^{j+1}. 然而如果计算机舍入误差相对于近似误差来说是主要的, 则 Q_{ij} 的值将变得不稳定. $\widehat{T}_{i,j}$ 三角形表的列可以用来确定商在变坏前接近 4^{j+1} 的最大的 j. 这时不再需要通过 (5.30) 计算更多的更新列. 下面的例子说明了这种方法.

例 5.4 (阿尔茨海默病, 续) 表 5.5 给出了对例 5.1 的积分应用 Romberg 积分的结果. 该表右边的列用来诊断 Romberg 计算的稳定性. 表的顶部是 $j=0$ 时的结果, $\widehat{T}_{i,j}$ 是表 5.3 中给出的梯形法则估计. 经过某些初始步后, 表顶部的商很好地收敛于 4. 因此使用 (5.30) 来产生三角形表的第二列是安全且可取的. 之所以说安全是因为商收敛于 4 意味着计算机舍入误差还不是主要误差源, 之所以说可取是因为当前的积分估计值增加 1/3 的相应差值后会得到一个显著不同的更新估计.

三角形表的第二列在表 5.5 的中间部分给出. 这部分的商仍然比较合理, 所以计算了第三列并将其显示在表的底部. Q_{i2} 的值接近 64, 对更大的 j 有更多的容差. 在 $i=10$ 时, 计算机舍入误差似乎占了主要地位, 因为商偏离了 64. 然而, 注意到这个估计增加此时差值的 $\frac{1}{63}$ 对更新估计本身的影响可以忽略. 在计算机舍入误差的增长量此时影响甚微的推理下, 如果多进行一步, 我们将会发现估计没得到改进, 而且商也清楚地显示不需要再考虑进一步的外推了.

因此, 我们可以取 $\widehat{T}_{9,2}=1.728\,890\,082\,559\,63\times10^{-5}$ 作为积分的估计值. 在这个例子中, 对 $m=10$ 我们每次计算了三角形表的一列. 然而在实施中, 一次产生

表的一行更可取. 在这种情形, 我们将在 $i=9$ 后停止计算, 用比前面的任一例子更少的子区间和更少的 f 求值得到一个精确的估计. □

表 5.5 使用 Romberg 积分得到的 (5.7) 式积分的估计. 所有的估计值都乘了因子 10^5. 最后两列给出的是正文中讨论的效果评价度量

i	j	子区间数	$\widehat{T}_{i,0}$	$\widehat{T}_{i,j}-\widehat{T}_{i-1,j}$	$Q_{i,j}$
1	0	2	3.493 877 516 947 44		
2	0	4	1.887 606 527 137 68	−1.606 270 989 809 76	
3	0	8	1.728 901 777 789 65	−0.158 704 749 348 03	10.12
4	0	16	1.728 889 584 376 16	−0.000 012 193 413 49	13 015.61
5	0	32	1.728 889 944 528 69	0.000 000 360 152 54	−33.86
6	0	64	1.728 890 047 061 56	0.000 000 102 532 87	3.51
7	0	128	1.728 890 073 620 57	0.000 000 026 559 01	3.86
8	0	256	1.728 890 080 320 79	0.000 000 006 700 22	3.96
9	0	512	1.728 890 081 999 67	0.000 000 001 678 88	3.99
10	0	1 024	1.728 890 082 419 62	0.000 000 000 419 96	4.00
1	1	2			
2	1	4	1.325 182 863 867 76		
3	1	8	1.676 000 194 673 64	0.323 817 330 805 89	
4	1	16	1.728 885 519 905 00	0.052 885 325 231 36	6.12
5	1	32	1.728 890 064 579 54	0.000 004 544 674 54	11 636.77
6	1	64	1.728 890 081 239 18	0.000 000 016 659 64	272.80
7	1	128	1.728 890 082 473 58	0.000 000 001 234 39	13.50
8	1	256	1.728 890 082 554 20	0.000 000 000 080 62	15.31
9	1	512	1.728 890 082 559 29	0.000 000 000 005 10	15.82
10	1	1 024	1.728 890 082 559 61	0.000 000 000 000 32	16.14
1	2	2			
2	2	4			
3	2	8	1.697 588 016 727 36		
4	2	16	1.732 411 208 253 75	0.034 823 191 526 29	
5	2	32	1.728 890 367 557 84	−0.003 520 840 695 91	−9.89
6	2	64	1.728 890 082 349 83	−0.000 000 285 208 02	12 344.82
7	2	128	1.728 890 082 555 87	0.000 000 000 206 04	−1 384.21
8	2	256	1.728 890 082 559 57	0.000 000 000 003 70	55.66
9	2	512	1.728 890 082 559 63	0.000 000 000 000 06	59.38
10	2	1 024	1.728 890 082 559 63	< 0.000 000 000 000 01	−20.44

Romberg 方法可用于其他 Newton-Côtes 积分法. 比如, 若 $\widehat{S}(n)$ 是 $\int_a^b f(x)\mathrm{d}x$ 使用 n 个等长子区间的 Simpson 法则所得的估计, 则 (5.29) 式的类似结果是

$$\frac{16\widehat{S}(2n)-\widehat{S}(n)}{15}=\int_a^b f(x)\mathrm{d}x+\mathcal{O}(n^{-6}). \tag{5.32}$$

Romberg 积分是 Richardson 外推法的形式之一, 且后者是一种更一般的策略 [283, 436].

5.3 Gauss 求积

以上讨论的所有 Newton-Côtes 法则都是基于等长子区间的. 估计的积分值是被积函数在正规格子点上的加权值之和. 对固定的子区间数和节点数, 只有权重可灵活选取; 我们已把注意力限定在产生多项式精确积分的权重的选取上. 采用每个子区间 $m+1$ 个节点可得到 m 阶多项式的精确积分.

一个重要的问题是, 如果去掉等间距节点和子区间的约束, 能达到的改进量有多少. 通过允许权重和节点任意选取, 在近似 f 时我们就有两倍于原来的参数. 如果积分值主要是由被积函数取值较大的区域决定, 那么在这些区域中就应该设置较多的节点. 当 $m+1$ 个节点 $x_0, \cdots, x_m$ 和相应的权重 $A_0, \cdots, A_m$ 选择灵活得当时, $2(m+1)$ 阶多项式的精确积分值就可以由 $\int_a^b f(x)\mathrm{d}x = \sum_{i=0}^{m} A_i f(x_i)$ 得到.

这种称为 Gauss 求积的方法, 对形如 $\int_a^b f(x)w(x)\mathrm{d}x$ 的积分特别有效, 其中 w 是非负函数, 且对所有的 k, $\int_a^b x^k w(x)\mathrm{d}x < \infty$. 这些条件是对具有有限各阶矩密度函数的回顾. 的确, 将 w 作为密度常常是有用的, 这时像期望值和 Bayes 后验归一化常数这样的积分是 Gauss 求积的自然候选者. 然而通过定义 $f^*(x) = f(x)/w(x)$ 且应用该方法到 $\int_a^b f^*(x)w(x)\mathrm{d}x$ 上, 这种方法则有更一般的适用性.

最好的节点位置是由 w 决定的一组正交多项式的根.

5.3.1 正交多项式

为逐步阐明 Gauss 求积法, 需要正交多项式的一些预备知识 [2, 120, 343, 525]. 令 $p_k(x)$ 表示一个一般的 k 阶多项式. 为方便, 假定 $p_k(x)$ 的首项系数为正.

如果 $\int_a^b f(x)^2 w(x)\mathrm{d}x < \infty$, 则称函数 f 关于 w 在 $[a,b]$ 上*平方可积*. 这时我们记为 $f \in \mathcal{L}^2_{w,[a,b]}$. 对任意的包含在 $\mathcal{L}^2_{w,[a,b]}$ 中的 f 和 g, 它们关于 w 在 $[a,b]$ 上的*内积*定义为

$$\langle f, g\rangle_{w,[a,b]} = \int_a^b f(x)g(x)w(x)\mathrm{d}x. \tag{5.33}$$

如果 $\langle f, g\rangle_{w,[a,b]} = 0$, 则称 f 和 g 关于 w 在 $[a,b]$ 上*正交*. 如果 f 和 g 还进行了按比例缩放, 满足 $\langle f, f\rangle_{w,[a,b]} = \langle g, g\rangle_{w,[a,b]} = 1$, 则 f 和 g 在 $[a,b]$ 上关于 w*标准正交*.

给定 $[a,b]$ 上的任一非负函数 w, 则存在一列多项式 $\{p_k(x)\}_{k=0}^{\infty}$ 关于 w 在 $[a,b]$ 上相互正交. 不经过某种形式的标准化, 这列多项式是不唯一的, 因为 $\langle f,g\rangle_{w,[a,b]}=0$ 意味着对任何常数 c 有 $\langle cf,g\rangle_{w,[a,b]}=0$. 一组正交多项式的正则标准化依赖于 w, 这将在后面讨论; 通常的选择是取 $p_k(x)$ 的首项系数为 1. 为在 Gauss 求积中使用, 积分范围通常由 $[a,b]$ 变换到 $[a^*,b^*]$, 这种变换依赖于 w.

一组标准化的正交多项式可以通过以下递推关系加以归纳

$$p_k(x)=(\alpha_k+x\beta_k)p_{k-1}(x)-\gamma_k p_{k-2}(x), \tag{5.34}$$

其中, α_k,β_k 和 γ_k 随 k 和 w 的变化而变化.

这样一个标准化集合里的任一多项式的根都落在 (a^*,b^*) 中. 这些根将作为 Gauss 求积的节点. 表 5.6 列出了几组正交多项式、它们的标准化形式以及它们与普通密度函数的对应.

表 5.6 正交多项式、它们的标准化形式、它们与普通密度函数的对应以及它们递归产生用到的项. 多项式首项系数记为 c_k. 在某些情形, 为了与熟悉的密度有最好的对应, 需选择标准定义的变型

名称 (密度)	$w(x)$	标准化形式 (a^*,b^*)	α_k β_k γ_k
Jacobi[a] (Beta)	$(1-x)^{p-q}x^{q-1}$	$c_k=1$ (0, 1)	见 [2, 436]
Legendre[a] (均匀)	1	$p_k(1)=1$ (0, 1)	$(1-2k)/k$ $(4k-2)/k$ $(k-1)/k$
Laguerre (指数)	$\exp\{-x\}$	$c_k=(-1)^k/k!$ $(0,\infty)$	$(2k-1)/k$ $-1/k$ $(k-1)/k$
Laguerre[b] (Gamma)	$x^r\exp\{-x\}$	$c_k=(-1)^k/k!$ $(0,\infty)$	$(2k-1+r)/k$ $-1/k$ $(k-1+r)/k$
Hermite[c] (正态)	$\exp\{-x^2/2\}$	$c_k=1$ $(-\infty,\infty)$	0 1 $k-1$

a 平移的. b 广义的. c 可选形式.

5.3.2 Gauss 求积法则

像 (5.34) 式那样的标准化正交多项式非常重要, 这是因为在基于已选定的 w 基础上, 它们既决定 Gauss 求积法则中的权重又决定节点. 设 $\{p_k(x)\}_{k=0}^{\infty}$ 是一

列在 $[a,b]$ 上关于 w 的正交多项式, w 满足前面讨论的条件. 将 $p_{m+1}(x)$ 的根用 $a < x_0 < \cdots < x_m < b$ 表示, 则存在权重 $A_0, \cdots, A_m$ 满足:

(1) $A_i > 0, i = 0, \cdots, m$;

(2) $A_i = -c_{m+2}/[c_{m+1}p_{m+2}(x_i)p'_{m+1}(x_i)]$, 其中 c_k 是 $p_k(x)$ 的首项系数.

(3) $\int_a^b f(x)w(x)\mathrm{d}x = \sum_{i=0}^{m} A_i f(x_i)$, 其中 f 是阶数不超过 $2m+1$ 的多项式. 也就是说, 该方法对任一这样的多项式关于 w 的期望来说是精确的.

(4) 如果 f 是 $2(m+1)$ 阶连续可导的, 那么存在 $\xi \in (a,b)$ 使得

$$\int_a^b f(x)w(x)\mathrm{d}x - \sum_{i=0}^{m} A_i f(x_i) = \frac{f^{(2m+2)}(\xi)}{(2m+2)!c_{m+1}^2}. \tag{5.35}$$

该结果的证明可在 [120] 中找到.

虽然根据该结果和表 5.6 可以计算出 $(m+1)$ 点 Gauss 求积法则的节点和权重, 但是由于潜在的数值不精确, 大家一般不愿直接计算. 这些量的数值稳定的计算可由现有的公共软件得到 [199, 418]. 另外, 也可以从像在 [2, 337] 中已出版的表里得到节点和权重. 其他已出版表的列表在 [120, 534] 中给出.

表 5.6 中的各选择中, Gauss-Hermite 求积尤其有用, 因为它使得积分可以在整个实线上进行. 正态分布在统计实践和极限理论中的主导地位意味着许多积分是光滑函数和正态密度的乘积; Gauss-Hermite 求积在 Bayes 应用中的好处可在 [408] 中找到.

例 5.5 (阿尔茨海默病, 续) 表 5.7 给出了应用 Gauss-Hermite 求积估计例 5.1 积分的结果. Hermite 多项式在此例中尤其适用, 这主要因为例 5.1 的被积函数本就应该在整个实线上积分而不是在区间 $(-0.07, 0.085)$ 上. 收敛非常快: 用 8 个节点时得到的相对误差是 Simpson 法则用 1 024 个节点时的一半. 表 5.7 中的估计值与以前的例子不同, 因为积分范围不同. 应用 Gauss-Legendre 求积并采用 26 个节点在区间 $(-0.07, 0.085)$ 上得到的估计值是 $1.728\,890\,082\,559\,62 \times 10^{-5}$. □

表 5.7 使用具有不同节点数的 Gauss-Hermite 求积法则得到的 (5.7) 式积分的估计. 所有的估计值都乘了因子 10^5. 供在某相对收敛准则中使用的误差在最后一列给出

节点数	估 计	相对误差
2	1.728 933 061 633 35	
3	1.728 893 990 838 98	−0.000 023
4	1.728 890 688 271 01	−0.000 001 9
5	1.728 890 709 101 31	0.000 000 012
6	1.728 890 709 143 13	0.000 000 000 024
7	1.728 890 709 141 66	−0.000 000 000 000 85
8	1.728 890 082 141 67	−0.000 000 000 000 007 1

Gauss 求积与前面讨论的 Newton-Côtes 法则大大不同. 后者依赖潜在大量的节点以达到足够的精度, 而 Gauss 求积用明显较少量的节点就常常非常准确. 不过对 Gauss 求积, m 点法则的节点通常不是 $(m+k)$ 点法则的节点, $k \geqslant 1$. 回忆一下针对 Newton-Côtes 法则讨论的策略, 子区间的个数是顺次加倍的, 因而一半的新节点与原节点相同. 这对 Gauss 求积是无效的, 因为每次节点数增加都需要重新产生节点和权重.

5.4 常见问题

本节简要阐述比有限范围上无奇点光滑函数的一维积分更复杂问题的解决策略.

5.4.1 积分范围

无限范围上的积分可变换到有限范围求解. 一些实用的变换包括 $1/x$, $\frac{\exp\{x\}}{1+\exp\{x\}}$, $\exp\{-x\}$ 以及 $\frac{x}{1+x}$. 任何累积分布函数都可以是变换的潜在基础. 比如, 指数累计分布函数将正实线变换为单位区间. 实值随机变量的累积分布函数将双侧无限的范围变换为单位区间. 当然, 消除无限范围的变换会产生诸如奇点等其他类型的问题. 因此, 在可用的选择里, 挑选一个合适的变换至关重要. 粗略地说, 一个合适的变换应该产生像近似常数那样易于处理的被积函数.

无限范围也可用其他方法处理. 例 5.5 举例说明了 Gauss-Hermite 求积在实线上积分的使用. 另一方面, 当被积函数在积分范围端点附近变成零时, 被积函数可以用一个可控误差量截断. 例 5.1 就使用了截断的方法.

更多关于如何选择合适变换的方法和相关讨论参见 [120, 534].

5.4.2 带奇点或其他极端表现的被积函数

奇点会妨碍积分法则的表现, 多种方法可用来消除或控制奇点的影响.

变换就是其中之一. 比如, 考虑 $\int_0^1 \frac{\exp\{x\}}{\sqrt{x}} \mathrm{d}x$, 它有一个奇点 0. 使用变换 $u = \sqrt{x}$ 得到 $2\int_0^1 \exp\{u^2\}\mathrm{d}u$ 就可以轻易地求得积分值.

积分 $\int_0^1 x^{999}\exp\{x\}\mathrm{d}x$ 在 $[0,1]$ 上没有奇点, 但是难以直接由 Newton-Côtes 方法求解. 这时变换也很有用. 令 $u = x^{1\,000}$ 得到 $\int_0^{\mathrm{e}} \exp\{u^{1/1\,000}\}\mathrm{d}u$, 它的被积函数在 $[0,\mathrm{e}]$ 上接近常数. 变换后的积分更易可靠地估计.

另一种方法是剔除奇点. 比如, 考虑 $\int_{-\pi/2}^{\pi/2} \log\{\sin^2 x\}\mathrm{d}x$, 它有一个奇点 0, 通

过增加和减去奇点零处对数值的平方, 我们得到 $\int_{-\pi/2}^{\pi/2} \log\{(\sin^2 x)/x^2\}\mathrm{d}x + \int_{-\pi/2}^{\pi/2} \log x^2 \mathrm{d}x$, 第一项适于积分, 第二项用初等方法得到 $2\pi(\log\frac{\pi}{2} - 1)$.

更多关于如何找到合适方法处理奇点的详细讨论参见 [120, 436, 534].

5.4.3 多重积分

将一元求积法向多重积分最显而易见的推广是*乘积公式*. 这需要, 举例说, 将 $\int_a^b \int_c^d f(x,y)\mathrm{d}y\mathrm{d}x$ 写为 $\int_a^b g(x)\mathrm{d}x$, 其中 $g(x) = \int_c^d f(x,y)\mathrm{d}y$. $g(x)$ 的值可以通过对 x 值的格子点求 $\int_c^d f(x,y)\mathrm{d}y$ 的一元积分近似而得. 然后可以完成对 g 的一元求积. 在每个一元积分中使用 n 个子区间就需要 n^p 个 f 值, 其中 p 是积分的维数. 因此, 该方法对较大的 p 值不可行. 甚至对较小的 p 也要谨防大量小误差的累积, 因为每个外层积分都取决于内层积分在一组点上的取值. 另外, 乘积公式仅可以对有简单几何图形, 比如超矩形的积分区域直接应用.

为处理更高维和一般的多元区域, 我们可以在积分区域上划出专门的网格, 寻求能够解析求积分的一维或更多维从而降低问题的难度, 或求助于多元自适应求积法. 多元方法在 [120, 253, 436, 524] 有更详细的讨论.

第 6, 7 章提到的 Monte Carlo 方法可以用来有效地估计高维区域上的积分. 为估计基于 n 个点的一维积分, Monte Carlo 估计通常地有 $\mathcal{O}(n^{-1/2})$ 的收敛速度, 而本章讨论的求积法以 $\mathcal{O}(n^{-2})$ 甚至更快的速度收敛. 但在高维时, 情况恰恰相反. 求积法非常难于实施且收敛变慢, 而 Monte Carlo 方法一般地保持了它们易于实施且收敛良好的特点. 由此可见, Monte Carlo 方法通常是高维积分的首选.

5.4.4 自适应求积

自适应求积的原则是根据被积函数的局部表现选择子区间的长度. 比如, 可以递归细分那些积分估计尚不稳定的子区间. 当被积函数的不良表现限制在一小部分积分区域上时这是一种非常有效的方法. 另外, 这也给出了一种减少为多重积分所花工作量的方法, 因为大部分的积分区域可由一个非常粗的子区间网格充分覆盖. [103, 328, 534] 包括了多种此类方法.

5.4.5 积分软件

本章关注于没有解析解的积分的求法. 对我们大多数人而言, 有一类积分虽然有解析解但这类解非常复杂难以用我们的技术、耐心或智慧来得到. 数值近似将会适用于这样的积分, 但符号积分工具也可用于求解. 像 Mathematica[572] 和 Maple[335] 这样的软件包使得用户在一种类似其他许多计算机语言的语法下输入被积函数. 这种软件编译这些代数表达式. 通过熟练应用积分和操作项的命令, 用

户可以得到解析积分的确切表达式. 这种软件可进行代数运算, 且对难以求解的不定积分这种软件尤其有用.

问 题

5.1 对梯形法则, 将 $p_i(x)$ 表示为

$$f(x_i)+(x-x_i)\frac{f(x_{i+1})-f(x_i)}{x_{i+1}-x_i}.$$

将 f 在 x_i 处 Taylor 展开并求 $x=x_{i+1}$ 处的值. 利用所得表达式证明 (5.14).

5.2 依照问题 (5.8)~(5.11) 的方法, 求出 Simpson 法则中的 $A_{ij}, j=0,1,2$.

5.3 假设数据 $(x_1,\cdots,x_7)=(6.52, 8.32, 0.31, 2.82, 9.96, 0.14, 9.64)$ 是观测到的. 基于极小充分的 $\bar{x}|\mu$ 的一个 $N(\mu, 3^2/7)$ 似然以及一个 Cauchy(5,2) 先验, 考虑 μ 的 Bayes 估计.

(a) 选择一种数值积分方法, 证明比例常数大约是 7.846 54. (即求出使得 $\int k\times$(先验)$\times$(似然)$\mathrm{d}\mu=1$ 的 k 值.)

(b) 使用 (a) 中的值 7.846 54, 并在积分范围内采用 Riemann 法则、梯形法则和 Simpson 法则确定 $2\leqslant\mu\leqslant 6$ 的后验概率 (像在 (5.20) 中那样将两相邻的子区间配对以实施 Simpson 法则). 直到最慢方法的相对收敛在 0.000 1 之内时, 计算估计值. 将结果制成表格. 所得估计值与正确答案 0.996 05 有多近?

(c) 以下述两种方式求 $\mu\geqslant 3$ 的后验概率. 由于积分范围是无限的, 使用变换 $u=\frac{\exp\{\mu\}}{1+\exp\{\mu\}}$. 首先忽略奇点 1, 使用一种或多种求积法求出积分值. 其次, 使用一种或多种近似法处理奇点 1, 并求得积分值. 比较所得结果. 这些估计值与正确答案 0.990 86 有多近?

(d) 使用变换 $u=1/\mu$, 得到 (c) 中积分的一个好的估计.

5.4 对 $a>1$, 令 $X\sim$Unif$[1,a]$ 且 $Y=(a-1)/X$. 使用 $m=6$ 的 Romberg 算法计算 $\mathrm{E}\{Y\}=\log a$. 将得到的三角形表列出. 评价所得结果.

5.5 由于依赖于 Legendre 多项式, $[-1,1]$ 上 $w(x)=1$ 的 Gauss 求积法则 (参见表 5.6) 称为 Gauss-Legendre *求积*. 10 点 Gauss-Legendre 法则的节点和权重在表 5.8 给出.

(a) 画出权重–节点图.

(b) 求出曲线 $y=x^2$ 下在 -1 和 1 之间的面积. 将其与实际答案比较, 并评价该求积法的精确性.

表 5.8 范围 $[-1,1]$ 上 10 点 Gauss-Legendre 求积的节点和权重

$\pm x_i$	A_i
0.148 874 338 981 631	0.295 524 224 714 753
0.433 395 394 129 247	0.269 266 719 309 996
0.679 409 568 299 024	0.219 086 362 515 982
0.865 063 366 688 985	0.149 451 394 150 581
0.973 906 528 517 172	0.066 671 344 308 688

5.6 假设由 10 个独立同分布的观测值得到 $\bar{x} = 47$. 令 μ 的似然对应于模型 $\bar{X}|\mu \sim N(\mu, 50/10)$, 且 $(\mu - 50)/8$ 的先验是自由度为 1 的 t 分布.

(a) 说明 5 点 Gauss-Hermite 求积法则依赖于 Hermite 多项式 $H_5(x) = c(x^5 - 10x^3 + 15x)$.

(b) 说明 $H_5(x)$ 的归一化 (即 $\langle H_5(x), H_5(x)\rangle = 1$) 要求 $c = 1/\sqrt{120\sqrt{2\pi}}$. 注意标准正态分布的奇数阶矩为 0, 当 r 是偶数时第 r 阶矩等于 $\frac{r!}{(r/2)!2^{r/2}}$.

(c) 用你喜欢的求根法, 估计 5 点 Gauss-Hermite 求积法则的节点. (注意找到 f 的一个根等价于找到 $|f|$ 的一个局部最小值.) 画出 $H_5(x)$ 从 -3 到 3 的曲线, 并指明它的根.

(d) 找出积分的权重. 画出权重–节点图. 你会意识到$H_6(x)$的归一化常数是$1/\sqrt{720\sqrt{2\pi}}$.

(e) 使用上面找到的 5 点 Gauss-Hermite 积分的节点和权重, 估计 μ 的后验方差. (在取后验期望前记住考虑后验中的归一化常数).

第 6 章　模拟与 Monte Carlo 积分

本章介绍从某一目标分布 f 中随机抽取 $\boldsymbol{X}_1, \cdots, \boldsymbol{X}_n$ 的模拟. 这样的抽样最常用于进行 Monte Carlo 积分, 该积分是用从积分范围上某分布中随机抽取的一组点上的被积函数值对某积分值做的统计估计.

经由 Monte Carlo 模拟的积分估计在多种背景下有用. 在 Bayes 分析中, 后验矩可以写成一个积分的形式, 但通常不能解析求得积分值. 后验概率也可以写成关于后验的示性函数的期望. Bayes 决策理论中风险的计算也依赖于积分. 积分也同样是频率似然分析的一个重要组成部分. 例如, 联合密度的边际化依赖于积分. 例 5.1 举例说明了来自某广义线性混合模型的极大似然拟合的一个积分问题. 一些其他的积分问题将在本章和第 7 章中讨论.

除了在 Monte Carlo 积分中的应用, 对从某一目标密度 f 中随机抽样的模拟在很多其他情况中也很重要. 实际上, 第 7 章专门介绍了 Monte Carlo 积分的一种特殊策略, 叫做*马氏链* Monte Carlo. 自助法、随机搜索算法和许多其他的统计工具也都依赖于随机偏差的产生.

关于在本章中讨论的主题的更多细节可在 [91, 137, 166, 326, 334, 357, 366, 400, 456, 466, 468] 中找到.

6.1　Monte Carlo 方法的介绍

在推断性的统计分析中很多感兴趣的量能够表示为某随机变量的函数的期望, 即 $\mathrm{E}\{h(\boldsymbol{X})\}$. 令 f 表示 $\boldsymbol{X}$ 的密度, 且 μ 表示 $h(\boldsymbol{X})$ 关于 f 的期望. 当从 f 中取得一个独立同分布的样本 $\boldsymbol{X}_1, \cdots, \boldsymbol{X}_n$ 时, 依据强大数定律 (见第 1.6 节), 当 $n \to \infty$ 时, 我们可以用样本均值近似 μ:

$$\hat{\mu}_{\mathrm{MC}} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} h(\boldsymbol{X}_i) \to \int h(\boldsymbol{x}) f(\boldsymbol{x}) \mathrm{d}\boldsymbol{x} = \mu. \tag{6.1}$$

此外, 令 $v(\boldsymbol{x}) = [h(\boldsymbol{x}) - \mu]^2$, 并假定 $h(\boldsymbol{X})^2$ 在 f 下期望是有限的. 那么 $\hat{\mu}_{\mathrm{MC}}$ 的样本方差为 $\sigma^2/n = E\{v(\boldsymbol{X})/n\}$, 其中期望是关于 f 求的. 类似的 Monte Carlo 方法可用

$$\widehat{\mathrm{var}}\{\hat{\mu}_{\mathrm{MC}}\} = \frac{1}{n-1}\sum_{i=1}^{n} [h(\boldsymbol{X}_i) - \hat{\mu}_{\mathrm{MC}}]^2 \tag{6.2}$$

来估计 σ^2. 当 σ^2 存在时, 中心极限定理表明对较大的 n, $\hat{\mu}_{\mathrm{MC}}$ 有近似正态分布, 于是有对 μ 的近似置信界和统计推断. 一般地, 可以直接把 (6.1), (6.2) 和本章的大多数方法推广到感兴趣的量是多元的情形, 因此下面考虑 μ 是标量即可.

Monte Carlo 积分慢于 $\mathcal{O}(n^{-1/2})$ 收敛. 在 n 个节点下, 第 5 章描述的求积方法是 $\mathcal{O}(n^{-2})$ 阶或更好的收敛. 但是有多种原因表明 Monte Carlo 积分仍是一个非常强大的工具.

最重要的是, 求积方法很难推广到多维问题上, 因为一般的 p 维空间很大. 直积法产生的 n^p 个积分网格很快受限于维数祸根 (将在 10.4.1 节讨论), 从而会变得更难实现且收敛更慢. Monte Carlo 积分在 f 的 p 维支撑区域上随机抽取来自 f 的样本, 但并不尝试对该区域的任何系统的探索. 因此, Monte Carlo 积分的实施比求积法更少受限于高维问题. 然而, 当 p 很大时, 仍需要一个非常大的样本量以得到 $\hat{\mu}_{\mathrm{MC}}$ 的一个可接受的标准误. 当 h 光滑时, 即使 $p=1$, 求积法也表现最好. 相比之下, Monte Carlo 积分方法不考虑光滑性. 更多的比较在 [166] 给出.

Monte Carlo 积分用一组从某概率分布中随机选取的点取代了求积节点的系统网格. 因而, 第一步是研究如何产生这些随机点. 这个问题将在 6.2 节中解决. 等式 (6.1) 中给出的标准估计的改进方法在 6.3 节中叙述.

6.2 模　拟

本节主要讨论不服从常见参数分布的随机变量的模拟. 我们称想要的抽样密度 f 为目标分布. 当目标分布来自一个标准参数族时, 大量的软件可容易地产生随机偏差. 在某种程度上, 这些代码都依赖于标准均匀分布随机偏差的产生. 给定了计算机的确定性本质, 这些抽取不是真正随机的, 但是一个好的发生器会产生一系列与独立标准均匀变量在统计上不能区别开来的值. 标准均匀随机偏差的产生是在 [171, 198, 334, 455, 456, 468] 中研究的一个典型问题.

相对于重复均匀随机数产生的理论, 我们更关注有好软件的人所面临的实际困惑: 当目标密度用软件不易抽样时该怎么办. 例如, 几乎所有的 Bayes 后验分布都不是标准参数族的成员. 利用指数族里的共轭先验求得的后验是个例外.

除缺少显而易见的 f 抽样方法外还有另外的困难. 多数情况下, 特别是在 Bayes 分析里, 可能会已知目标密度在仅差一个乘法比例常数下已知. 这种情况下 f 不能被抽样, 只能在差那个常数下计算. 幸运的是, 有一些模拟方法在这种情况下依然有效.

最后, 对 f 估值是有可能的, 但是计算昂贵. 如果 $f(x)$ 的每次计算都需要一次优化、一次积分, 或者其他费时的计算, 那我们会寻找模拟方法以尽量避免直接求 f 值.

6.2.1　从标准参数族中产生

在讨论从复杂的目标分布中抽样前，我们考察一些利用均匀随机变量从常见分布中产生随机变量的策略. 我们略去了这些方法的原理，它们在上面引用的文献中给出. 表 6.1 归纳了多种方法. 虽然列出的方法不一定是最新的，但它们说明了复杂发生器利用的一些基本原理.

表 6.1　从常见分布中产生随机变量 X 的一些方法

分　布	方　法
均匀	见 [171,198,334,455,456,468]. 对 $X \sim \text{Unif}(a,b)$；取 $U \sim \text{Unif}(0,1)$；然后令 $X = a + (b-a)U$
$N(\mu,\sigma^2)$ 和 lognormal(μ,σ^2)	取 $U_1, U_2 \sim$ i.i.d. $\text{Unif}(0,1)$；则 $X_1 = \mu + \sigma\sqrt{-2\log U_1}\cos\{2\pi U_2\}$ 和 $X_2 = \mu + \sigma\sqrt{-2\log U_1}\sin\{2\pi U_2\}$ 是独立的 $N(\mu,\sigma^2)$. 如果 $X \sim N(\mu,\sigma^2)$，则 $\exp\{X\} \sim \text{lognormal}(\mu,\sigma^2)$
多元 $N(\boldsymbol{\mu},\boldsymbol{\Sigma})$	分坐标产生标准多元正态向量 $\boldsymbol{Y}$；则 $\boldsymbol{X} = \boldsymbol{\Sigma}^{-1/2}\boldsymbol{Y} + \boldsymbol{\mu}$
Cauchy(α,β)	取 $U \sim \text{Unif}(0,1)$；则 $X = \alpha + \beta\tan\{\pi(U-1/2)\}$
指数 (λ)	取 $U \sim \text{Unif}(0,1)$；则 $X = -(\log U)/\lambda$
Poisson(λ)	取 $U_1, U_2, \cdots \sim$ i.i.d. $\text{Unif}(0,1)$；则 $X = j-1$，其中 j 是满足 $\prod_{i=1}^{j} U_i < \mathrm{e}^{-\lambda}$ 的最小下标
Gamma(r,λ)	见例 6.1，文献，或对整数 r，$X = -\frac{1}{\lambda}\sum_{i=1}^{r}\log U_i$，其中 $U_1,\cdots,U_r \sim$ i.i.d. $\text{Unif}(0,1)$
卡方 $(\text{df}=k)$	取 $Y_1,\cdots,Y_k \sim$ i.i.d. $N(0,1)$，则 $X = \sum_{i=1}^{k} Y_i^2$；或取 $X \sim \text{Gamma}(k/2,1/2)$
学生 $t(\text{df}=k)$ 和 $F_{k,m}$ 分布	独立地取 $Y \sim N(0,1), Z \sim \chi_k^2, W \sim \chi_m^2$，则 $X = Y/\sqrt{Z/k}$ 有 t 分布且 $F = (Z/k)/(W/m)$ 有 F 分布
Beta(a,b)	独立地取 $Y \sim \text{Gamma}(a,1)$ 和 $Z \sim \text{Gamma}(b,1)$；则 $X = Y/(Y+Z)$
Bernoulli(p) 和二项 (n,p)	取 $U \sim \text{Unif}(0,1)$；则 $X = 1_{\{U<p\}}$ 是 Bernoulli(p). n 个独立 Bernoulli(p) 抽样的和是二项 (n,p)
负二项 (r,p)	取 $U_1,\cdots,U_r \sim$ i.i.d. $\text{Unif}(0,1)$；则 $X = \sum_{i=1}^{r}\lfloor(\log U_i)/\log\{1-p\}\rfloor$，其中 $\lfloor\cdot\rfloor$ 表示最大整数
多项 $(1,(p_1,\cdots,p_k))$	将 [0,1] 分成 k 段使得第 i 段的长是 p_i. 取 $U \sim \text{Unif}(0,1)$；令 X 等于 U 所落入的段的标号. 对多项 $(n,(p_1,\cdots,p_k))$ 计数这些抽样
Dirichlet$(\alpha_1,\cdots,\alpha_k)$	取独立的 $Y_i \sim \text{Gamma}(\alpha_i,1)$, $i=1,\cdots,k$；则 $\boldsymbol{X}^{\mathrm{T}} = \left(Y_1/\sum_{i=1}^{k}Y_i,\cdots,Y_k/\sum_{i=1}^{k}Y_i\right)$

6.2.2　逆累积分布函数

表 6.1 中 Cauchy 和指数分布的方法是以*逆累积分布函数*或*概率积分变换*方法为依据的. 对任意的连续分布函数 F，如果 $U \sim \text{Unif}(0,1)$，则 $X = F^{-1}(U) = \inf\{x : F(x) \geqslant U\}$ 的累积分布函数等于 F.

如果 F^{-1} 对目标密度是可用的，那么该方法可能是最简单的选择了. 如果 F^{-1}

不可用, 但 F 或者可用或者容易近似, 那么可用线性插值得到一种粗糙的方法. 用 $x_1, \cdots, x_m$ 的网格横跨 f 的支撑区域, 在每个格子点计算或近似 $u_i = F(x_i)$. 然后, 取 $U \sim \text{Unif}(0,1)$, 并在两个最近的格子点间依照

$$X = \frac{u_j - U}{u_j - u_i} x_i + \frac{U - u_i}{u_j - u_i} x_j, \tag{6.3}$$

作线性插值, 其中 $u_i \leqslant U \leqslant u_j$. 该方法并不具吸引力, 因为它需要对 F 的完全近似, 而不管需要的样本量大小, 并且它不能推广到多维且比其他方法效率低.

6.2.3 拒绝抽样

如果 $f(x)$ 在至少差一个比例常数下是可计算的, 那么我们可以用**拒绝抽样**从目标分布准确得到一个随机抽样. 这种方法依赖于一个较简单分布的抽样备选点, 然后通过随机拒绝某些备选点修正抽样概率.

令 g 表示另一个密度, 由此我们知道如何抽样且因此更容易计算 $g(x)$. 令 $e(\cdot)$ 表示一条包络, 对所有满足 $f(x) > 0$ 的 x 及给定的常数 $\alpha \leqslant 1$, 有性质 $e(x) = g(x)/\alpha \geqslant f(x)$. 拒绝抽样步骤如下:

(1) 取样本 $Y \sim g$;

(2) 取样本 $U \sim \text{Unif}(0,1)$;

(3) 如果 $U > f(Y)/e(Y)$, 就拒绝 Y. 这种情况下不记录 Y 值作为目标随机样本的一个元素, 而是返回步骤 1;

(4) 否则, 保留 Y 值. 令 $X = Y$, 认为 X 为目标随机样本的一个元素, 然后返回步骤 1, 直到达到所需的样本量.

用这个算法保留的样本构成了来自目标密度 f 的独立同分布的样本; 这里没有引入近似. 为说明此点, 注意某保留样本不大于值 y 的概率为

$$\begin{aligned}
P[X \leqslant y] &= P\left[Y \leqslant y \middle| U \leqslant \frac{f(Y)}{e(Y)}\right] \\
&= P\left[Y \leqslant y \text{ 且 } U \leqslant \frac{f(Y)}{e(Y)}\right] \Big/ P\left[U \leqslant \frac{f(Y)}{e(Y)}\right] \\
&= \int_{-\infty}^{y} \int_{0}^{f(z)/e(z)} \mathrm{d}u \, g(z)\mathrm{d}z \Big/ \int_{-\infty}^{\infty} \int_{0}^{f(z)/e(z)} \mathrm{d}u \, g(z)\mathrm{d}z \qquad (6.4) \\
&= \int_{-\infty}^{y} f(z)\mathrm{d}z, \qquad (6.5)
\end{aligned}$$

此即为所需的概率. 因而, 抽样分布是精确的, α 可以理解为可接受的备选点的期望比例. 因此 α 是算法效率的一个度量. 我们可以继续拒绝抽样的过程直到它满足所需样本点的个数, 但是这需要一个依赖于拒绝比例的随机的迭代总数.

回顾步骤 3 中决定一个备选抽样 $Y = y$ 命运的拒绝规则. 取抽样 $U \sim \text{Unif}(0,1)$ 并遵循这一规则就等价于取抽样 $U|y \sim \text{Unif}(0, e(y))$, 如果 $U < f(y)$ 就保留 y

值. 考虑图 6.1. 假设 y 值落在垂直线显示的点上. 那么想象在垂直线上均匀抽样 $U|Y=y$. 拒绝规则以 $f(y)$ 之上的线长相对于总线长比例的概率排除了这个 Y. 因此, 拒绝抽样可以视为在曲线 e 下的二维区域均匀抽样, 然后去除任何落在 f 之上 e 之下的样本. 既然从 f 抽样等价于从 $f(x)$ 曲线下的二维区域均匀抽样, 然后忽略纵坐标, 那么拒绝抽样提供的样本确切地来自 f.

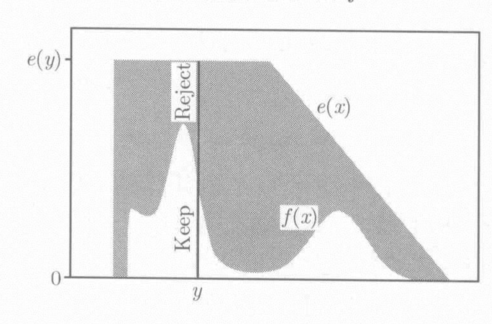


图 6.1 采用拒绝抽样包络 e 对目标分布 f 的拒绝抽样的图示

图 6.1 中 f 之上 e 之下的阴影区域显示的是损耗. 当 $e(y)$ 远大于 $f(y)$ 时, 抽样 $Y=y$ 极有可能被拒绝. 所以包络处处仅超过 f 极小的幅度可以产生较少的损耗样本点, 且对应于接近 1 的 α 值.

假设目标分布 f 在仅差一个比例常数 c 下是已知的. 也就是说, 假设我们仅能容易地计算 $q(x)=f(x)/c$, 其中 c 是未知的. 这样的密度出现在比如 Bayes 推断中, 这时 f 是一个后验分布, 已知它等于先验与被某归一化常数调整过的似然的乘积. 幸运的是, 在这种情形下可以应用拒绝抽样. 我们找到一条包络 e, 满足对所有使 $q(x)>0$ 的 x 有 $e(x)\geqslant q(x)$. 当 $U>q(y)/e(y)$ 时, 抽样 $Y=y$ 被拒绝. 抽样比例仍然正确, 因为当 f 被 q 取代时, 未知常数 c 在 (6.4) 的分子和分母中抵消了. 保留抽样的比例是 α/c.

假如可以构造一个合适的多元包络, 那么多元目标分布也能用拒绝抽样方法抽样. 拒绝抽样算法在概念上是不变的.

要构造一条包络来限制目标分布, 我们就必须足够了解目标分布以便界定它. 这可能需要对 f 或 q 进行优化或者巧妙近似, 以保证 e 能够构造得处处超过目标. 注意到当目标是连续且对数凹时, 它是单峰的. 如果我们选择峰值对边上的两个点 x_1 和 x_2, 那么将在 x_1 和 x_2 点与 $\log f$ 或 $\log q$ 相切的线段相连接得到的函数产生一条具有指数尾的分段指数包络. 得到这条包络不需要知道目标密度的最大值; 它仅需要检验 x_1 和 x_2 是否位于它的对边上. 6.2.3 节第 2 部分描述的自适应拒绝抽样方法利用这个想法生成了很好的包络.

综上所述, 好的拒绝抽样包络有三条性质: (1) 容易构造或确定以致处处超过目标密度; (2) 容易抽样; (3) 产生很少的拒绝样本.

例 6.1 (Gamma 偏差) 考虑当 $r \geqslant 1$ 时, 生成一个 Gamma$(r,1)$ 随机变量的问题. 当 Y 是根据密度

$$f(y) = t(y)^{r-1}t'(y)\exp\{-t(y)\}/\Gamma(r) \tag{6.6}$$

生成时, 其中 $t(y) = a(1+by)^3$, $-1/b < y < \infty$, $a = r - 1/3$ 且 $b = 1/\sqrt{9a}$, 则 $X = t(Y)$ 会有一个 Gamma$(r,1)$ 分布 [376]. Marsaglia 和 Tsang 描述了在拒绝抽样框架下如何利用这一事实 [377]. 采用 (6.6) 式作为目标分布, 这主要因为变换来自 f 的样本可给出所需的 Gamma 样本.

简化 f 并且忽略归一化常数, 我们希望从与 $q(y) = \exp\{a\log\{t(y)/a\} - t(y) + a\}$ 成比例的密度生成样本. 方便的是, q 在函数 $e(y) = \exp\{-y^2/2\}$ 下拟合得比较合适, 这是一个未调整的标准正态密度. 因此, 拒绝抽样等于抽取一个标准正态随机变量 Z 和一个标准均匀随机变量 U, 然后如果

$$U \leqslant q(Z)/e(Z) = \exp\{Z^2/2 + a\log\{t(Z)/a\} - t(Z) + a\} \tag{6.7}$$

且 $t(Z) > 0$, 则取 $X = t(Z)$. 否则, 拒绝该样本且步骤重新开始. 一个接受的样本具有密度 Gamma$(r,1)$. 来自 Gamma$(r,1)$ 的样本可重新调整以得到来自 Gamma(r,λ) 的样本.

在 $r = 4$ 时的一个模拟中, 超过 99% 的备选样本被接受, 且 $e(y)$ 和 $q(y)$ 对 y 的图显示两条曲线几乎重合. 即使在最差的情况 $(r = 1)$, 包络也是极好的, 只有少于 5% 的损耗. □

例 6.2 (抽取 Bayes 后验分布) 假设 10 个独立观测 (8, 3, 4, 3, 1, 7, 2, 6, 2, 7) 来自模型 $X_i|\lambda \sim \text{Poisson}(\lambda)$. 假定 λ 服从一个对数正态先验分布: $\log\lambda \sim N(4, 0.5^2)$. 记似然为 $L(\lambda|\boldsymbol{x})$, 先验为 $f(\lambda)$. 我们知道 $\hat{\lambda} = \bar{x} = 4.3$ 使 $L(\lambda|\boldsymbol{x})$ 关于 λ 最大; 因此, 未归一化后验 $q(\lambda|\boldsymbol{x}) = f(\lambda)L(\lambda|\boldsymbol{x})$ 被 $e(\lambda) = f(\lambda)L(4.3|\boldsymbol{x})$ 上覆盖. 图 6.2 显示了 q 和 e. 注意先验与 e 是成比例的. 因而, 拒绝抽样从抽取来自对数正态先验的 λ_i 和来自标准均匀分布的 U_i 开始. 然后如果 $U_i < q(\lambda_i|\boldsymbol{x})/e(\lambda_i) = L(\lambda_i|\boldsymbol{x})/L(4.3|\boldsymbol{x})$, 则

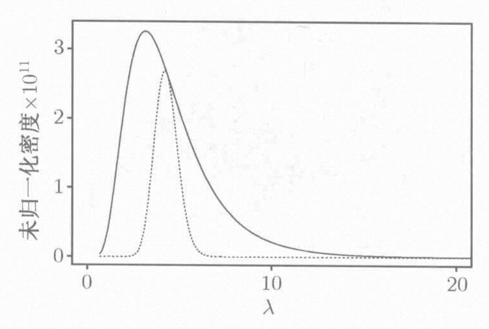


图 6.2 例 6.2 中拒绝抽样的未归一化目标分布 (点线) 和包络 (实线)

保留 λ_i. 否则, 拒绝 λ_i 且步骤重新开始. 任何保留的 λ_i 都是来自后验的一个抽样. 虽然不很有效, 只有大约 30% 的备选抽样被保留, 但该方法简易且准确. □

1. 压挤拒绝抽样

一般的拒绝抽样需要对每个备选抽样 Y 有一个 f 值. 在 f 求值昂贵但拒绝抽样却吸引人的情形, 压挤拒绝抽样可以改进模拟速度 [334, 374, 375].

在某些情形, 该方法利用一个非负的*压挤函数* s 取代 f 求值. 要使 s 是一个合适的压挤函数, 则 $s(x)$ 一定不能在 f 的支撑上的任一处超过 $f(x)$. 像对一般的拒绝抽样一样, 也要用到包络 e, 且在 f 的支撑上有 $e(x) = g(x)/\alpha \geqslant f(x)$.

算法如下进行.

(1) 取样本 $Y \sim g$.

(2) 取样本 $U \sim \text{Unif}(0, 1)$.

(3) 如果 $U \leqslant s(Y)/e(Y)$, 保留 Y 值. 令 $X = Y$, 考虑 X 为目标随机样本之一, 然后转到步骤 6.

(4) 否则, 确定是否有 $U \leqslant f(Y)/e(Y)$. 如果不等式成立, 保留 Y 值, 令 $X = Y$. 考虑 X 为目标随机样本之一. 然后转到步骤 6.

(5) 如果 Y 仍未被保留, 拒绝其成为目标随机样本之一.

(6) 返回步骤 1, 直到达到所需的样本量.

注意到当 $Y = y$ 时, 备选抽样以总概率 $f(y)/e(y)$ 被保留, 而以概率 $[e(y)-f(y)]/e(y)$ 被拒绝. 这和简单拒绝抽样的概率一致. 步骤 3 基于 s 值而不是 f 值决定是否保留 Y. 当 s 处处紧靠在 f 的下面时, 我们得到 f 求值个数的最大减少量.

图 6.3 演示了该过程. 当抽取一个备选 $Y = y$ 时, 算法的进行在某种意义上等价于抽取一个 $\text{Unif}(0, e(y))$ 的随机变量. 如果该均匀变量落在 $s(y)$ 之下, 则该备选立即被保留. 浅色阴影表示备选立即被保留的区域. 如果备选不能立即被保留, 那么必须采用第二次检验, 以确定均匀变量是否落在 $f(y)$ 之下. 最后, 深色阴影表示

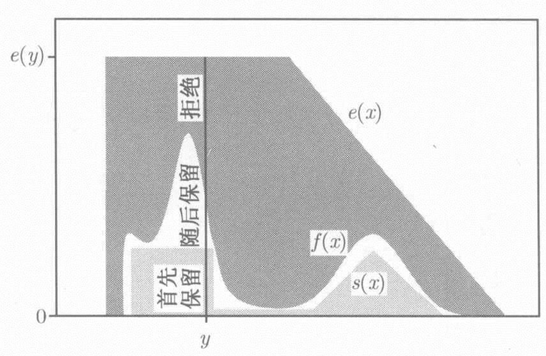


图 6.3　采用包络 e 和压挤函数 s 对某目标分布 f 的压挤拒绝抽样图示. "首先保留" 和 "随后保留" 分别对应算法的步骤 3 和步骤 4

备选最终被拒绝的区域.

像拒绝抽样一样, 备选抽样被保留的比例是 α. 避免求 f 值的迭代比例是 $\int s(x)\mathrm{d}x / \int e(x)\mathrm{d}x$.

当目标在仅差一个比例常数下已知时, 也能应用压挤拒绝抽样. 在这种情形下, 包络和压挤函数把未归一化目标夹在中间. 这种方法仍是准确的, 且有同样的效率回报.

可直接得到对抽取多元目标的推广.

2. *自适应拒绝抽样*

显然拒绝抽样策略中最富有挑战性的方面是构造合适的包络. 对压挤拒绝抽样, Gilks 和 Wild 提出了一种针对支撑连通区域上连续、可导、对数凹密度的自动包络生成方法 [214].

这种方法称为*自适应拒绝抽样*, 因为包络和压挤函数在生成样本的同时被反复精炼. 随着迭代次数的增加, 损耗量和 f 必须被估值的频数都会同时减少.

令 $l(x) = \log f(x)$, 并假设在某 (可能无穷的) 实线区间上 $f(x) > 0$. 令 f 是对数凹的, 满足对 f 支撑区域内的任意三点 $a < b < c$ 有 $l(a) - 2l(b) + l(c) < 0$. 在 f 是连续可导的额外假设下, 注意到 $l'(x)$ 存在且随着 x 的增加单调递减, 但可能有间断点.

算法以在 k 个点 $x_1 < x_2 < \cdots < x_k$ 处计算 l 和 l' 开始. 令 $T_k = \{x_1, \cdots, x_k\}$. 如果 f 的支撑延伸到 $-\infty$, 选择 x_1 使得 $l'(x_1) > 0$. 同样地, 如果 f 的支撑延伸到 ∞, 选择 x_k 使得 $l'(x_k) < 0$

定义 T_k 上的拒绝包络为 l 在 T_k 内各点处的切线组成的分段线性上覆盖的指数. 如果记 l 的上覆盖为 e_k^*, 那么拒绝包络是 $e_k(x) = \exp\{e_k^*(x)\}$. 为理解上覆盖的概念, 请看图 6.4. 该图给出了实线 l 并演示了 $k = 5$ 的情况. 虚线给出的是分段上覆盖 e^*. 它在每个 x_i 处与 l 相切, l 的凹度保证了 e_k^* 在其他各点处处在 l 之上. 可以证明在 x_i 和 x_{i+1} 处的切线在

$$z_i = \frac{\ell(x_{i+1}) - \ell(x_i) - x_{i+1}\ell'(x_{i+1}) + x_i\ell'(x_i)}{\ell'(x_i) - \ell'(x_{i+1})} \tag{6.8}$$

处相交, 其中 $i = 1, \cdots, k-1$. 因此,

$$e_k^*(x) = \ell(x_i) + (x - x_i)\ell'(x_i), \quad x \in [z_{i-1}, z_i], \tag{6.9}$$

且 $i = 1, \cdots, k$, z_0 和 z_k 分别定义为等于 f 支撑区域的 (可能无穷的) 下界和上界. 图 6.5 给出了取幂到原始刻度上的包络 e_k.

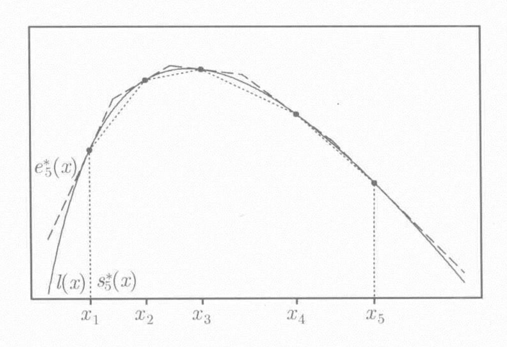


图 6.4 当 $k=5$ 时在自适应拒绝抽样中采用的 $l(x)=\log f(x)$ 的分段线性外、内覆盖

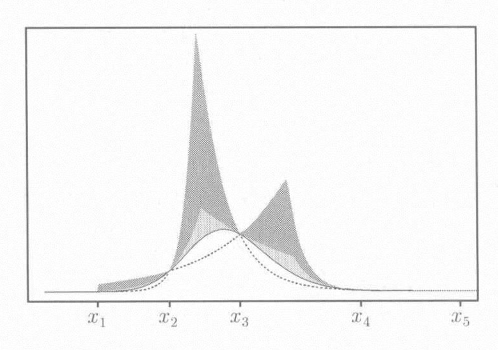


图 6.5 自适应拒绝抽样的包络和压挤函数. 目标密度是平滑的, 接近钟形曲线. 文中讨论的第一种方法利用 l 的导数产生了显示为浅色阴影区域上边界的包络. 它对应于方程 (6.9) 和图 6.4 在后文中给出了无导数的方法. 包络是深色阴影区域的上边界, 它对应于方程 (6.11) 和图 6.6. 两种方法的压挤函数都是虚曲线

定义 T_k 上的压挤函数为 T_k 内相邻点间的弦组成的 l 的分段线性下覆盖的指数. 这个下覆盖由

$$s_k^*(x)=\frac{(x_{i+1}-x)l(x_i)+(x-x_i)l(x_{i+1})}{x_{i+1}-x_i},\quad x\in[x_i,x_{i+1}], \tag{6.10}$$

且 $i=1,\cdots,k-1$ 给出. 当 $x<x_1$ 或者 $x>x_k$ 时, 令 $s_k^*(x)=-\infty$. 这样压挤函数为 $s_k(x)=\exp\{s_k^*(x)\}$. 图 6.4 给出了一个 $k=5$ 时的分段线性下覆盖 $s_k^*(x)$. 图 6.5 给出了原始刻度上的压挤函数 s_k.

图 6.4 和图 6.5 显示了该方法的几个重要特征. 拒绝包络和压挤函数都是分段指数函数. 包络具有在 f 的尾部之上的指数尾部. 压挤函数具有有界支撑.

自适应拒绝抽样通过选择一个适中的 k 和相应合适的网格 T_k 来初始化. 算法的第一次迭代像对压挤拒绝抽样一样进行, 分别用 e_k 和 s_k 作为包络和压挤函数. 当一个备选抽样被接受时, 如果满足压挤准则, 那么不用计算 l 和 l' 即可被接受. 然而, 它也可能在第二阶段被接受, 这里就需要在备选抽样处计算 l 和 l'. 当一个

备选抽样在该第二阶段被接受时, 接受的点被加到 T_k 中, 得到 T_{k+1}, 并计算更新函数 e_{k+1} 和 s_{k+1}. 迭代继续. 当一个备选抽样被拒绝时, 则不用更新 T_k, e_k 和 s_k. 此外, 我们现在看出如果一个新的点与 T_k 中任一存在的元素重合, 则不必更新 T_k, e_k 和 s_k.

备选抽样是来自通过按比例缩放分段指数包络 e_k 以使其积分为 1 而得到的密度. 因为每一个接受的抽样都是用一个拒绝抽样方法得到的, 因而它们是来自 f 的独立同分布的样本. 如果 f 在仅差一个乘法常数下已知, 那么自适应拒绝抽样方法也能使用, 因为比例常数仅仅平移 l, e_k^* 和 s_k^*.

Gilks 与其合作者提出了一种类似的方法, 它不需要计算 l'[208, 210]. 我们保留 f 是具有连通支撑区域的对数凹的假设, 并保留上面基于切线方法的基本记号和设置.

对点集 T_k, 定义 $L_i(\cdot)$ 为连接 $(x_i, l(x_i))$ 和 $(x_{i+1}, l(x_{i+1}))$ 的直线函数, 其中 $i = 1, \cdots, k-1$. 定义

$$e_k^*(x) = \begin{cases} \min\{L_{i-1}(x), L_{i+1}(x)\}, & x \in [x_i, x_{i+1}], \\ L_1(x), & x < x_1, \\ L_{k-1}(x), & x > x_k, \end{cases} \tag{6.11}$$

以及约定 $L_0(x) = L_k(x) = \infty$. 那么 e_k^* 是 l 的分段线性上覆盖, 因为 l 的凹度保证 $L_i(x)$ 在 (x_i, x_{i+1}) 上位于 $l(x)$ 之下, 当 $x < x_i$ 或 $x > x_{i+1}$ 时位于 $l(x)$ 之上. 于是拒绝抽样的包络是 $e_k(x) = \exp\{e_k^*(x)\}$.

压挤函数仍像在 (6.10) 中的那样. 无导数自适应拒绝抽样算法的迭代和前面的方法一样类似进行, 每当有新点保留时, 更新 T_k, 包络和压挤函数.

图 6.6 演示了对图 6.4 中给出的同一目标采用的无导数自适应拒绝抽样算法. 包络不如使用 l' 时有效. 图 6.5 给出的是原始刻度上的包络. 损失效率也可在这个刻度上看出.

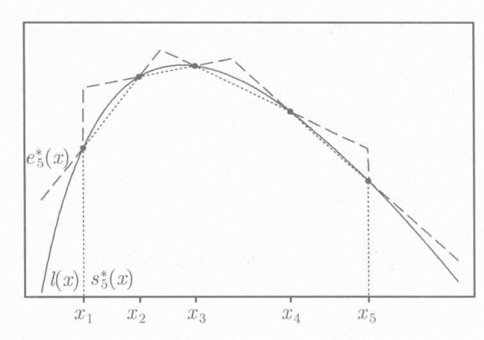


图 6.6 当 $k = 5$ 时在无导数自适应拒绝抽样中采用的 $l(x) = \log f(x)$ 的分段线性外覆盖与内覆盖

不考虑用来构造 e_k 的方法, 注意到在 f 的峰值附近 $f(x)$ 取最大值的区域, 我们更愿意 T_k 的网格点是最密集的. 幸运的是, 这将自动发生, 因为这样的点在随后的迭代中最可能被保留且被包括进 T_k 的更新中. 远在 f 尾部的网格点用处不大, 比如 x_5.

针对基于切线方法的软件在 [209] 中可以找到. 无导数方法因其在 WinBUGS 软件中的使用而普及, 该软件实施了马氏链 Monte Carlo 算法以推动 Bayes 分析 [211, 213, 515]. 自适应拒绝抽样也可扩展到不是对数凹的密度上, 但那时必须用像第 7 章中那样的马氏链 Monte Carlo 方法来进一步修正抽样概率. 详见 [210].

6.2.4 采样重要性重抽样算法

采样重要性重抽样 (SIR) 算法模拟了近似来自某目标分布的实现. SIR 是基于重要性抽样的概念, 具体细节将在 6.3.1 节中讨论. 简要地说, 重要性抽样就是通过从一个*重要性抽样函数*g 中抽取一个样本来进行. 非正式地讲, 我们将称 g 为包络. 样本中的每个点被加权以修正抽样概率以便加权抽样可与目标密度 f 关联起来. 例如, 加权抽样可以用来估计 f 下的期望.

本章前面部分已经画出了一些单变量的目标密度和包络以说明基本的概念, 我们现在转到多变量的记号以强调方法的完全一般性. 这样, $\boldsymbol{X}=(X_1,\cdots,X_p)$ 表示密度 $f(\boldsymbol{x})$ 的一个随机变量, $g(\boldsymbol{x})$ 表示对应于 f 的一个多变量包络的密度.

对目标密度 f, 用来修正抽样概率的权重称作*标准化重要性权重*, 定义如下

$$w(\boldsymbol{x}_i)=\frac{f(\boldsymbol{x}_i)/g(\boldsymbol{x}_i)}{\sum\limits_{i=1}^{m} f(\boldsymbol{x}_i)/g(\boldsymbol{x}_i)}, \tag{6.12}$$

其中 $\boldsymbol{x}_1,\cdots,\boldsymbol{x}_m$ 是来自包络 g 的独立同分布的样本. 虽然对一般重要性抽样这不是必须的, 但对像在 (6.12) 中一样来标准化权重使其和为 1 是有用的. 当对某未知的比例常数 c, 有 $f=cq$ 时, 未知常数 c 在 (6.12) 的分子和分母中抵消了.

我们可以把重要性抽样看成是用在每个观测点 $\boldsymbol{x}_i$ 有概率 $w(\boldsymbol{x}_i)$ 的离散分布近似 f, 其中 $i=1,\cdots,m$. Rubin 提出从这种分布中抽样以提供 f 的一个近似样本 [470, 471]. 因此, SIR 算法如下进行:

(1) 从 g 取独立同分布的备选样本 $\boldsymbol{Y}_1,\cdots,\boldsymbol{Y}_m$;

(2) 计算标准化重要性权重 $w(\boldsymbol{Y}_1),\cdots,w(\boldsymbol{Y}_m)$;

(3) 以概率 $w(\boldsymbol{Y}_1),\cdots,w(\boldsymbol{Y}_m)$ 从 $\boldsymbol{Y}_1,\cdots,\boldsymbol{Y}_m$ 中有放回地重新抽取样本 $\boldsymbol{X}_1,\cdots,\boldsymbol{X}_n$.

当 $m\to\infty$ 时, 用 SIR 算法抽取的随机变量 $\boldsymbol{X}$ 有收敛到 f 的分布. 为说明这一点, 定义 $w^*(\boldsymbol{y})=f(\boldsymbol{y})/g(\boldsymbol{y})$, 令 $\boldsymbol{Y}_1,\cdots,\boldsymbol{Y}_m\sim$ i.i.d. g, 并考虑某集合 $\mathcal{A}$. 那么

$$P[\boldsymbol{X}\in\mathcal{A}|\boldsymbol{Y}_1,\cdots,\boldsymbol{Y}_m]=\sum_{i=1}^{m}1_{\{\boldsymbol{Y}_i\in\mathcal{A}\}}w^*(\boldsymbol{Y}_i)\Big/\sum_{i=1}^{m}w^*(\boldsymbol{Y}_i). \tag{6.13}$$

由强大数定律得出, 当 $m \to \infty$ 时

$$\frac{1}{m}\sum_{i=1}^{m} 1_{\{\boldsymbol{Y}_i \in \mathcal{A}\}} w^*(\boldsymbol{Y}_i) \to \mathrm{E}\{1_{\{\boldsymbol{Y}_i \in \mathcal{A}\}} w^*(\boldsymbol{Y}_i)\} = \int_{\mathcal{A}} w^*(\boldsymbol{y})g(\boldsymbol{y})\mathrm{d}\boldsymbol{y}. \tag{6.14}$$

进一步, 当 $m \to \infty$ 时

$$\frac{1}{m}\sum_{i=1}^{m} w^*(\boldsymbol{Y}_i) \to \mathrm{E}\{w^*(\boldsymbol{Y}_i)\} = 1. \tag{6.15}$$

因此, 当 $m \to \infty$ 时

$$P[\boldsymbol{X} \in \mathcal{A}|\boldsymbol{Y}_1, \cdots, \boldsymbol{Y}_m] \to \int_{\mathcal{A}} w^*(\boldsymbol{y})g(\boldsymbol{y})\mathrm{d}\boldsymbol{y} = \int_{\mathcal{A}} f(\boldsymbol{y})\mathrm{d}\boldsymbol{y}. \tag{6.16}$$

最后, 我们注意到依据 Lesbesgue 控制收敛定理 [43, 504]

$$P[\boldsymbol{X} \in \mathcal{A}] = \mathrm{E}\{P[\boldsymbol{X} \in \mathcal{A}|\boldsymbol{Y}_1, \cdots, \boldsymbol{Y}_m]\} \to \int_{\mathcal{A}} f(\boldsymbol{y})\mathrm{d}\boldsymbol{y}. \tag{6.17}$$

当目标密度和包络在只差一个常数下已知时, 证明也是类似的.

虽然 SIR 和拒绝抽样都依赖目标密度与包络的比例, 但它们在某种重要程度上是不同的. 在生成样本的分布恰是 f 的意义下, 拒绝抽样是完美的, 但是它需要一个随机个数的抽样以得到大小为 n 的一个样本. 相比之下, SIR 算法利用预先确定的抽样个数来生成一个大小为 n 的样本, 但它允许在已抽样点的分布上对 f 有一个随机的近似程度.

当使用 SIR 时, 应重点考虑初始样本和再抽样的相对大小. 这些样本大小分别为 m 和 n. 原则上, 样本依分布收敛需要 $n/m \to 0$. 在基于 SIR 的 Monte Carlo 估计渐近分析的上下文中, 当 $n \to \infty$ 时, 此条件意味着 $m \to \infty$ 的速度比 $n \to \infty$ 更快. 对固定的 n, 当 $m \to \infty$ 时会出现样本依分布收敛, 因而实际中我们开始 SIR 时需要最大可能的 m. 然而, 我们也面临着选择尽可能大的 n 以提高推断精度这一竞争性的需求. n/m 的最大容许率取决于包络的质量. 我们有时发现 $n/m \leqslant 1/10$ 是可以的, 只要生成的重抽样不包括任一初始抽样的过多重复即可.

SIR 算法对 g 的选择是敏感的. 首先, 如果来自 g 的重置权重的样本是用来近似来自 f 的样本, 那么 g 的支撑一定要包括 f 的全部支撑. 此外, g 应该有比 f 更重的尾部, 或者更一般地, 应该选择 g 以保证 $f(\boldsymbol{x})/g(\boldsymbol{x})$ 不要增长过大. 如果 $g(\boldsymbol{x})$ 处处几乎为 0, 而 $f(x)$ 为正, 那么来自这个区域的样本的出现会极为罕见, 但是一旦出现, 它将获得极大的权重.

当这个问题出现时, SIR 算法呈现出的征兆是：一个或几个标准化重要性权重远远大于其他权重, 而二次抽样几乎都是一个或几个初始样本的重复值. 当问题不是特别严重时, 建议使用无放回的二次再抽样 [193]. 它渐进等价于有放回抽样, 但

具有防止过多重复的现实中的优点. 不足之处就是在最后抽样中引入了一些额外的分布近似. 当发现权重的分布过度偏斜时, 转换到一个不同的包络或一种完全不同的抽样方法可能是明智的.

因为 SIR 生成了近似独立同分布的来自 f 的样本 $\boldsymbol{X}_1, \cdots, \boldsymbol{X}_n$, 我们可以继续进行 Monte Carlo 积分, 例如像在 (6.1) 中一样用 $\hat{\mu}_{\text{SIR}} = \sum_{i=1}^{n} h(\boldsymbol{X}_i)/n$ 来估计 $h(\boldsymbol{X})$ 的期望. 然而, 在 6.3 节中我们将介绍更好的方法, 以使用初始加权重要性抽样和其他有效的方法来改进积分的 Monte Carlo 估计.

例 6.3 (斜线分布) 如果 $Y = X/U$, 其中 $X \sim N(0,1)$ 和 $U \sim \text{Unif}(0,1)$ 独立, 则随机变量 Y 服从斜线分布. 下面考虑利用斜线分布作为一条 SIR 包络来生成标准正态变量, 以及反过来利用正态分布作为一条 SIR 包络来生成斜线变量. 因为容易利用标准方法来模拟两个密度, 且在哪种情形中 SIR 都不是必须的, 但考察这些结果是有启发性的.

斜线密度函数是

$$f(y) = \begin{cases} \dfrac{1-\exp\{-y^2/2\}}{y^2\sqrt{2\pi}}, & y \neq 0, \\ \dfrac{1}{2\sqrt{2\pi}}, & y = 0. \end{cases}$$

该密度有很重的尾部. 因此, 它是一个很好的重要性抽样函数, 可以利用 SIR 生成来自标准正态分布的抽样. 图 6.7 的左半部分显示了 $m = 100\ 000$ 和 $n = 5\ 000$ 时的结果. 并叠加了真实的正态密度加以比较.

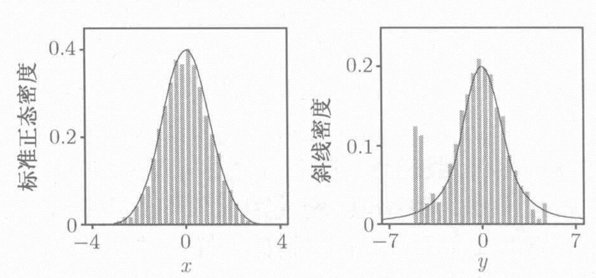


图 6.7 左半部分给出的是利用 SIR 和斜线分布包络得到的标准正态密度近似抽样的直方图. 右半部分给出的是利用 SIR 和正态分布包络得到的斜线密度近似抽样的直方图. 实线表示的是目标密度

另一方面, 当生成来自斜线分布的抽样时, 正态密度不是为 SIR 使用的一个合适的重要性抽样函数, 因为包络的尾部远轻于目标密度的尾部. 图 6.7 的右半部分 (同样是 $m = 100\ 000$ 和 $n = 5\ 000$) 显示了出现的问题. 虽然在远离原点 10 个单位的地方, 斜线密度的尾部赋予了可估的概率, 但没有来自正态密度的备选抽样

出现在离原点超过 5 个单位的地方. 因此, 在这些界限之外, 目标的模拟尾部被完全截去了. 此外, 生成的最极端备选抽样在正态包络下的密度远小于在斜线目标下的, 因此它们的重要性比率极高. 这导致尾部的这些点有充足的再抽样. 事实上, 由 SIR 选出的 5 000 个值中的 528 个是直方图中三个最小单一值的重复. □

例 6.4 (Bayes 推断) 假设我们寻找一个来自 Bayes 分析的后验分布的样本. 例如, 这样的样本可以用于提供后验矩、概率或者最高后验密度区间的 Monte Carlo 估计. 令 $f(\boldsymbol{\theta})$ 表示先验, $L(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})$ 表示似然, 那么后验为 $f(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x}) = cf(\boldsymbol{\theta})L(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})$, 其中常数 c 可能很难确定. 如果先验没有严格限制由数据通过似然函数支持的参数域, 那么先验可作为一个有用的重要性抽样函数. 从 $f(\boldsymbol{\theta})$ 中独立同分布地取 $\boldsymbol{\theta}_1, \cdots, \boldsymbol{\theta}_m$. 因为目标密度是后验的, 则第 i 个未标准化的权重等于 $L(\boldsymbol{\theta}_i|\boldsymbol{x})$. 这样 SIR 算法有一个非常简单的形式: 从先验中抽样, 由似然函数确定权重, 然后再抽样.

例如, 回顾例 6.2. 在该案例中, 重要性抽样开始于抽取 $\lambda_1, \cdots, \lambda_m \sim$ i.i.d. lognormal(4, 0.5^2). 重要性权重与 $L(\lambda_i|\boldsymbol{x})$ 成比例. 利用这些权重从 $\lambda_1, \cdots, \lambda_m$ 中有放回地再抽样, 会产生后验分布的一个近似样本. □

1. 自适应重要、桥路及路径抽样

某些情况下, 最初也许只能指定一个很差的重要性抽样包络. 例如, 当目标密度的支撑几乎限制在低维空间或者曲面上时, 可能发生这种情况, 这是由于变量间有未被分析员充分了解的强依赖性. 在另外的情况下, 我们可能希望为多种相关的问题构造重要性抽样, 但是没有单一的包络适合感兴趣的所有目标密度. 在这种情况下, 调整重要性抽样包络是可能的.

包络改进的一种方法称为*自适应重要性抽样*. 从某初始包络 e_1 中抽取样本量为 m_1 的一个初始样本. 将该样本加权重 (并可能再抽样) 以得到感兴趣量的一个初始估计或者 f 本身的初始观察. 基于得到的信息, 改进包络产生 e_2. 需要时可进行更多的重要性抽样和包络改进步骤. 当这种步骤结束时, 采用所有步骤产生的样本以及它们的权重来制定合适的推断是最有效率的. 另一方面, 我们也可在几个初始步骤中力求进行快速的包络精炼, 把多数的模拟精力放到最后阶段, 且为了简单, 将推断限定在该最后样本上.

在参数自适应重要性抽样中, 通常假定包络为属于以某个低维参数为指标的某密度族. 参数的最优选择在每次迭代中都进行估计, 且重要性抽样步骤不断迭代直到该指标参数的估计稳定为止 [165, 332, 419, 420, 511]. 在非参数自适应重要性抽样中, 包络通常假定为一个混合分布, 比如像用第 10 章中核密度估计方法生成的那样. 重要性抽样步骤再次由包络更新、加、减及修改混合成分交替进行. 例子包括在 [222, 558, 559, 579] 中. 尽管在某些情况下有潜在作用, 但这些方法因第 7 章中介绍的马式链 Monte Carlo 方法而黯然失色, 这是因为后者通常更简单, 且至少同样有效.

当单一的包络不足以用来考虑多个密度时, 包络改进的第二种方法与此相关. 在 Bayes 统计、确定的边际似然以及缺失值问题中, 我们通常感兴趣的是估计一对密度的归一化常数的比率. 例如, 如果 $f_i(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x}) = c_i q_i(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})$ 表示两个竞争模型下 $\boldsymbol{\theta}$ 的第 i 个后验密度 $(i=1,2)$, 其中 q_i 已知但 c_i 未知, 那么 $r = c_2/c_1$ 是模型 1 对模型 2 的后验胜算比. Bayes 因子就是 r 与先验胜算比的比率.

因为通常很难为 f_1 和 f_2 都找到好的重要性抽样包络, 一个标准的重要性抽样方法是用单个包络来估计 r. 例如, 在下述方便的情形, 当 f_2 的支撑包含了 f_1 支撑且我们能用 f_2 作为包络时, $r = \mathrm{E}\{q_1(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})/q_2(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})\}$. 然而, 当 f_1 和 f_2 区别较大时, 这样的一个方法就会表现很差, 因为没有单个包络能充分提供 c_1 和 c_2 的信息. 桥路抽样的方法利用一个未归一化密度 q_{bridge}, 即在某种意义下位于 q_1 和 q_2 之间的密度 [388]. 然后注意到

$$r = \frac{\mathrm{E}_{f_2}\{q_{\text{bridge}}(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})/q_2(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})\}}{\mathrm{E}_{f_1}\{q_{\text{bridge}}(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})/q_1(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})\}}, \tag{6.18}$$

我们可以利用重要性抽样来估计分子和分母, 这可使每个任务的困难减半, 因为 q_{bridge} 与每个 q_i 比两个 q_i 之间更近.

原则上, 桥路的思想可用 q_1 和 q_2 的中间密度的一个嵌套序列通过重复 (6.18) 中采用的策略而进行扩展. q_1 和 q_2 之间的序列中每对相邻的密度将会足够地接近以保证有归一化常数的相应比率的可靠估计, 并且从这些比率中我们能估计 r. 实际上, 这样一种方法的极限就是一个称作*路径抽样*的非常简单的算法. 详见 [195].

2. *序贯重要性抽样*

*序贯重要性抽样*是一种每次一维来构造高维包络的方法. 令 $\boldsymbol{X}_{\leqslant i} = (X_1, \cdots, X_i)$ 表示一个 p 维变量 $\boldsymbol{X} = (X_1, \cdots, X_p)$ 的前 i 个坐标, 且考虑由

$$f(\boldsymbol{x}) = f(x_1)f(x_2|\boldsymbol{x}_{\leqslant 1})f(x_3|\boldsymbol{x}_{\leqslant 2})\cdots f(x_p|\boldsymbol{x}_{\leqslant p-1}) \tag{6.19}$$

给出的目标密度的分解. 用同样的方式分解包络 g 得到

$$w^*(\boldsymbol{x}) = \frac{f(x_1)f(x_2|\boldsymbol{x}_{\leqslant 1})f(x_3|\boldsymbol{x}_{\leqslant 2})\cdots f(x_p|\boldsymbol{x}_{\leqslant p-1})}{g(x_1)g(x_2|\boldsymbol{x}_{\leqslant 1})g(x_3|\boldsymbol{x}_{\leqslant 2})\cdots g(x_p|\boldsymbol{x}_{\leqslant p-1})} \tag{6.20}$$

作为未标准化重要性权重的表达式. 注意到该式建议从 $g(x_1)$, $g(x_2|\boldsymbol{x}_{\leqslant 1})$, $g(x_3|\boldsymbol{x}_{\leqslant 2})$ 等中序贯抽取 $\boldsymbol{X}$ 的分量. 在这种情形, 考虑令 $w_1(x_1) = f(x_1)/g(x_1)$, 并对 $i = 2, \cdots, p$ 应用递归表达式

$$w_i^*(\boldsymbol{x}_{\leqslant i}) = w_{i-1}^*(\boldsymbol{x}_{\leqslant i-1})\frac{f(x_i|\boldsymbol{x}_{\leqslant i-1})}{g(x_i|\boldsymbol{x}_{\leqslant i-1})} \tag{6.21}$$

来找到 $w_p^*(\boldsymbol{x}_{\leqslant p}) = w^*(\boldsymbol{x})$. 等式 (6.21) 看上去会提供一种每次一维来累积总体重要性权重 $w^*(\boldsymbol{x})$ 的方式, 但这是不实际的, 因为条件分布 $f(x_i|\boldsymbol{x}_{\leqslant i-1})$ 是得不到的.

然而, 假设我们能构造可以合理近似 $\boldsymbol{X}_{\leqslant i}$ 的边际密度 $f(\boldsymbol{x}_{\leqslant i})$ 的密度, 其中 $i=1,\cdots,p$. 令 $\{\tilde{f}(\boldsymbol{x}_{\leqslant 1}),\cdots,\tilde{f}(\boldsymbol{x}_{\leqslant p})\}$ 是近似 $\{f(\boldsymbol{x}_{\leqslant 1}),\cdots,f(\boldsymbol{x}_{\leqslant p})\}$ 的任一边际密度序列, 满足 $\tilde{f}(\boldsymbol{x}_{\leqslant p})=f(\boldsymbol{x})$. 那么 $\tilde{f}(\boldsymbol{x}_{\leqslant i})/\tilde{f}(\boldsymbol{x}_{\leqslant i-1})$ 就是 $f(x_i|\boldsymbol{x}_{\leqslant i-1})$ 的一个近似, 虽然是潜在粗糙的一个. 不过我们可以在 (6.21) 的思想下用 $\tilde{f}$ 函数来重加权来自 g 的条件形式的序贯样本, 而避免对 $f(x_i|\boldsymbol{x}_{\leqslant i-1})$ 的依赖.

定义 $u_1(x_1)=\tilde{f}(x_1)/g(x_1)$ 及

$$u_i(\boldsymbol{x}_{\leqslant i})=\frac{\tilde{f}(\boldsymbol{x}_{\leqslant i})}{\tilde{f}(\boldsymbol{x}_{\leqslant i-1})g(x_i|\boldsymbol{x}_{\leqslant i-1})}), \tag{6.22}$$

其中 $i=2,\cdots,p$. 那么

$$\prod_{i=1}^{p}u_i(\boldsymbol{x}_{\leqslant i})=f(\boldsymbol{x})/g(\boldsymbol{x})=w^*(\boldsymbol{x}). \tag{6.23}$$

这样我们可以用如下的算法来生成 g 的一个样本和相应的重要性权重:

(1) 通过从 $g(x_1)$ 中抽取 X_1 并令 $\tilde{w}_1^*(X_1)=\tilde{f}(X_1)/g(X_1)$ 及 $i=2$ 来初始化;

(2) 给定 $\boldsymbol{X}_{\leqslant i-1}=\boldsymbol{x}_{\leqslant i-1}$, 抽取 $X_i\sim g(x_i|\boldsymbol{x}_{\leqslant i-1})$;

(3) 令 $\boldsymbol{X}_{\leqslant i}=(\boldsymbol{X}_{\leqslant i-1},X_i)$, 并定义

$$\tilde{w}_i^*(\boldsymbol{X}_{\leqslant i})=\tilde{w}_{i-1}^*(\boldsymbol{X}_{\leqslant i-1})u_i(\boldsymbol{X}_{\leqslant i}); \tag{6.24}$$

(4) 增加 i 并返回步骤 2, 直到 $\boldsymbol{X}$ 的所有 p 个分量都抽取出来.

这些步骤结束后, $\boldsymbol{X}=\boldsymbol{X}_{\leqslant p}$ 及 $w^*(\boldsymbol{X})=\tilde{w}_p^*(\boldsymbol{X}_{\leqslant p})$ 构成了 g 的一个序贯生成的样本和一个重要性权重, 该权重对关于目标 f 的推断做了修正.

注意到在 (6.24) 中近似函数 $\tilde{f}$ 只出现在比率中. 因此, $\tilde{f}$ 仅需在差一个比例常数下指定即可. 进而, 由于最终都被抵消了, 故它们只近似目标的真实边际, 以使得在一定程度上合适地指导权重的计算即可.

当 $\tilde{f}$ 能用来改进普通的重要性抽样得到的总体包络时, 该方法的需求最为显著. 例如, 对某些 i, 对 f 下 X_i 的边际或条件分布的了解可以用来改进样本的生成. 进而, 当部分生成的样本点非常差以使得完整样本会有可忽略的重要性权重时, 可以监测局部权重 $\tilde{w}_i^*(\boldsymbol{X}_{\leqslant i})$ 以进行修正.

实施序贯重要性抽样的其他细节, 包括对逐渐减少的局部权重的修正, 在 [336, 357, 358] 给出. 在抽取稀疏列联表这一难题上的一个特别吸引人的应用在 [92] 中给出.

6.3 方差缩减技术

$\int h(\boldsymbol{x})f(\boldsymbol{x})\mathrm{d}\boldsymbol{x}$ 的简单 Monte Carlo 估计为 $\hat{\mu}_{\mathrm{MC}}=\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}h(\boldsymbol{X}_i)$, 其中变量

$\boldsymbol{X}_1, \cdots, \boldsymbol{X}_n$ 是从 f 中随机抽取的. 这种方法直觉上很吸引人, 因此我们更加关注从 f 生成样本的方法了. 然而在某些情况下, 可以得到更好的 Monte Carlo 估计. 这些方法仍基于平均化 Monte Carlo 样本的原则, 但它们采用了更聪明的抽样方法和不同形式的估计以得到比最简单 Monte Carlo 方法有更小方差的积分估计.

6.3.1 重要性抽样

假设我们希望估计一个骰子掷出 1 的概率. 如果掷了 n 次, 我们会期望看到 $n/6$ 个 1, 真实概率的点估计是 1 在样本中出现的比例. 如果骰子是公平的, 那么该估计的方差是 $\frac{5}{36n}$. 要得到具有某变异系数如 5% 的一个估计, 我们应该预计要掷 2 000 次.

为了减少所需的投掷次数, 考虑将点数为 2 和 3 的两面用点数 1 的面来取代以偏置骰子. 这样掷出一个 1 的概率便增加到了 0.5, 但我们不再从一个公平的骰子提供的目标分布中抽样了. 为了修正这一情况, 我们设掷出 1 的每次投掷的权重为 1/3. 也就是说, 当掷出 1 时 $Y_i = 1/3$, 否则 $Y_i = 0$. 那么 Y_i 的样本均值的期望就是 1/6, 该样本均值的方差是 $\frac{1}{36n}$. 对该估计, 如果要得到 5% 的变异系数, 我们预计只要掷 400 次.

这一改进的精度是通过提高关注事件相对于它在原始 Monte Carlo 抽样框架下的发生频率而得到的, 因此能更精确地估计它. 用重要性抽样的术语, 掷骰子的例子是成功的, 这是因为一个*重要性抽样分布*(对应于掷有 3 个 1 的骰子) 用于对目标分布 (适合于公平骰子的结果) 下得到较低概率的状态空间的一部分进行过抽样. *重要性加权*修正了这一偏置且能给出一个改进的估计. 对于非常罕见的事件, 极大地减少 Monte Carlo 方差是可能的.

*重要性抽样*方法基于这样的原则: 即 $h(\boldsymbol{X})$ 关于密度 f 的期望可以写成如下替代的形式

$$\mu = \int h(\boldsymbol{x}) f(\boldsymbol{x}) \mathrm{d}\boldsymbol{x} = \int h(\boldsymbol{x}) \frac{f(\boldsymbol{x})}{g(\boldsymbol{x})} g(\boldsymbol{x}) \mathrm{d}\boldsymbol{x}, \tag{6.25}$$

或

$$\mu = \frac{\displaystyle\int h(\boldsymbol{x}) f(\boldsymbol{x}) d\boldsymbol{x}}{\displaystyle\int f(\boldsymbol{x}) \mathrm{d}\boldsymbol{x}} = \frac{\displaystyle\int h(\boldsymbol{x}) \frac{f(\boldsymbol{x})}{g(\boldsymbol{x})} g(\boldsymbol{x}) \mathrm{d}\boldsymbol{x}}{\displaystyle\int \frac{f(\boldsymbol{x})}{g(\boldsymbol{x})} g(\boldsymbol{x}) \mathrm{d}\boldsymbol{x}}, \tag{6.26}$$

其中 g 是另一个密度函数, 称之为*重要性抽样函数*或者*包络*.

等式 (6.25) 建议用来估计 $\mathrm{E}\{h(\boldsymbol{X})\}$ 的一种 Monte Carlo 方法是: 从 g 中抽取独立同分布的样本 $\boldsymbol{X}_1, \cdots, \boldsymbol{X}_n$ 并采用估计

$$\hat{\mu}^*_{\mathrm{IS}} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} h(\boldsymbol{X}_i) w^*(\boldsymbol{X}_i), \tag{6.27}$$

其中 $w^*(\boldsymbol{X}_i) = f(\boldsymbol{X}_i)/g(\boldsymbol{X}_i)$ 是未标准化权重, 也称为**重要性比率**. 为了便于使用该方法, 从 g 中抽样以及计算 f 一定要简便, 即使在从 f 中抽样不容易时.

等式 (6.26) 建议从 g 中抽取独立同分布的样本 $\boldsymbol{X}_1, \cdots, \boldsymbol{X}_n$ 并采用估计

$$\hat{\mu}_{\text{IS}} = \sum_{i=1}^{n} h(\boldsymbol{X}_i) w(\boldsymbol{X}_i), \tag{6.28}$$

其中 $w(\boldsymbol{X}_i) = w^*(\boldsymbol{X}_i) / \sum\limits_{i=1}^{n} w^*(\boldsymbol{X}_i)$ 是标准化权重. 第二种方法特别重要, 它在 f 仅差一个比例常数下已知时可以使用, 就像在 Bayes 分析中 f 是一个后验密度这一常见的情形一样.

只要包络的支撑包含 f 的所有支撑, 那么两个估计以适用于 (6.1) 给出的简单 Monte Carlo 估计的同样依据收敛. 为了避免估计量的过度变异, 重要的是 $f(\boldsymbol{x})/g(\boldsymbol{x})$ 被界定住且 g 的尾部要比 f 重. 如果该要求没有满足, 那么有些标准化重要性权重将会是巨大的. 如果来自 g 的某罕见抽样在 f 下的密度远高于 g 下的密度, 那么它会得到巨大的权重并且会扩大估计的方差.

自然地, 当 $\boldsymbol{X} \sim g$ 时, $g(\boldsymbol{X})$ 通常比 $f(\boldsymbol{X})$ 大, 然而容易说明 $\mathrm{E}\{f(\boldsymbol{X})/g(\boldsymbol{X})\} = 1$. 因此, 如果 $f(\boldsymbol{X})/g(\boldsymbol{X})$ 的平均值为 1, 那么这个比率一定有时会相当大以平衡 0 到 1 之间值的优势. 这样, $f(\boldsymbol{X})/g(\boldsymbol{X})$ 的方差会趋向很大. 因此, 我们应该会预期 $h(\boldsymbol{X})f(\boldsymbol{X})/g(\boldsymbol{X})$ 的方差也很大. 为了让 μ 的重要性抽样估计有较低的方差, 我们要选择函数 g 使得仅当 $h(\boldsymbol{x})$ 非常小时 $f(\boldsymbol{x})/g(\boldsymbol{x})$ 较大. 例如, 当 h 是一个仅对某非常罕见的事件等于 1 的示性函数时, 我们可以选择能使这个事件发生更加频繁的 g 来抽样, 而却无法保证充分地抽出 $h(\boldsymbol{x}) = 0$ 的那些不感兴趣的结果. 该方法在对估计某小概率感兴趣的情形很好用, 例如估计统计功效、失效或超越概率, 以及组合空间上的似然, 这样的空间常随着遗传数据而出现.

有效样本量这一非正式度量可用来度量采用包络 g 的重要性抽样方法的效率. 当 f 准确已知并像在 (6.27) 中那样使用未标准化权重时, 有效样本量是

$$\hat{N}(g, f) = \frac{n}{1 + \widehat{\text{var}}\{w^*(\boldsymbol{X})\}}, \tag{6.29}$$

其中 $\widehat{\text{var}}\{w^*(\boldsymbol{X})\}$ 是 $w^*(\boldsymbol{X}_i)$ 的样本方差. 当 f 在仅差一个比例常数下已知且像在 (6.28) 中那样使用标准化权重时, 我们可用

$$\hat{N}(g, f) = \frac{n}{1 + \widehat{\text{cv}}^2\{w(\boldsymbol{X})\}}, \tag{6.30}$$

其中 $\widehat{\text{cv}}\{w(\boldsymbol{X})\}$ 是标准化重要性权重的样本标准差除以它们的样本均值. 有效样本量是 g 与 f 有多大差别的一个度量. 它可以解释为重要性抽样估计中用到的 n 个加权抽样相当于 $\hat{N}(g, f)$ 个准确来自 f 并用于简单 Monte Carlo 估计的未加权独立同分布的样本 [336, 357].

使用未标准化权重还是标准化权重的选择依赖于几个考虑因素. 首先考虑 (6.27) 中用未标准化权重定义的估计 $\hat{\mu}_{\mathrm{IS}}^*$. 令 $t(\boldsymbol{x}) = h(\boldsymbol{x})w^*(\boldsymbol{x})$. 当 $\boldsymbol{X}_1, \cdots, \boldsymbol{X}_n$ 是来自 g 的独立同分布的样本时, 令 $\bar{w}^*$ 和 $\bar{t}$ 分别表示 $w^*(\boldsymbol{X}_i)$ 和 $t(\boldsymbol{X}_i)$ 的均值. 注意 $\mathrm{E}\{\bar{w}^*\} = \mathrm{E}\{w^*(X)\} = 1$. 现在,

$$\mathrm{E}\{\hat{\mu}_{\mathrm{IS}}^*\} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}\mathrm{E}\{t(\boldsymbol{X}_i)\} = \mu \tag{6.31}$$

且

$$\mathrm{var}\{\hat{\mu}_{\mathrm{IS}}^*\} = \frac{1}{n^2}\sum_{i=1}^{n}\mathrm{var}\{t(\boldsymbol{X}_i)\} = \frac{1}{n}\mathrm{var}\{t(\boldsymbol{X})\}. \tag{6.32}$$

因而 $\hat{\mu}_{\mathrm{IS}}^*$ 是无偏的, 其 Monte Carlo 标准误的一个估计是 $t(\boldsymbol{X}_1), \cdots, t(\boldsymbol{X}_n)$ 的样本标准差除以 n.

现在考虑在 (6.28) 中定义的采用重要性权重标准化的估计 $\hat{\mu}_{\mathrm{IS}}$. 注意到 $\hat{\mu}_{\mathrm{IS}} = \bar{t}/\bar{w}^*$. Taylor 级数近似得到

$$\begin{aligned}\mathrm{E}\{\hat{\mu}_{\mathrm{IS}}\} &= \mathrm{E}\{\bar{t}[1 - (\bar{w}^* - 1) + (\bar{w}^* - 1)^2 + \cdots]\} \\ &= \mathrm{E}\{\bar{t} - (\bar{t} - \mu)(\bar{w}^* - 1) - \mu(\bar{w}^* - 1) + \bar{t}(\bar{w}^* - 1)^2 + \cdots\} \\ &= \mu - \frac{1}{n}\mathrm{cov}\{t(\boldsymbol{X}), w^*(\boldsymbol{X})\} + \frac{\mu}{n}\mathrm{var}\{w^*(\boldsymbol{X})\} + \mathcal{O}(1/n^2).\end{aligned} \tag{6.33}$$

因而, 重要性权重的标准化在估计 $\hat{\mu}_{\mathrm{IS}}$ 上引入了一个微小的偏差. 这个偏差可以通过用 Monte Carlo 抽样得到的样本估计替换 (6.33) 中的方差和协方差项而估计; 参见例 6.8.

$\hat{\mu}_{\mathrm{IS}}$ 的方差可类似得到

$$\mathrm{var}\{\hat{\mu}_{\mathrm{IS}}\} = \frac{1}{n}[\mathrm{var}\{t(\boldsymbol{X})\} + \mu^2\mathrm{var}\{w^*(\boldsymbol{X})\} - 2\mu\mathrm{cov}\{t(\boldsymbol{X}), w^*(\boldsymbol{X})\}] + \mathcal{O}(1/n^2). \tag{6.34}$$

另外, $\hat{\mu}_{\mathrm{IS}}$ 的一个方差估计可以通过用 Monte Carlo 抽样得到的样本估计替换 (6.34) 中的方差和协方差项而计算得到.

最后, 考虑 $\hat{\mu}_{\mathrm{IS}}^*$ 和 $\hat{\mu}_{\mathrm{IS}}$ 的均方误差. 结合上面得到的偏差和方差的估计, 我们发现

$$\begin{aligned}&\mathrm{MSE}\{\hat{\mu}_{\mathrm{IS}}\} - \mathrm{MSE}\{\hat{\mu}_{\mathrm{IS}}^*\} \\ &\qquad = \frac{1}{n}(\mu^2\mathrm{var}\{w^*(\boldsymbol{X})\} - 2\mu\mathrm{cov}\{t(\boldsymbol{X}), w^*(\boldsymbol{X})\}) + \mathcal{O}(1/n^2).\end{aligned} \tag{6.35}$$

不失一般性, 假定 $\mu > 0$, 当

$$\mathrm{cor}\{t(\boldsymbol{X}), w^*(\boldsymbol{X})\} > \frac{\mathrm{cv}\{w^*(\boldsymbol{X})\}}{2\mathrm{cv}\{t(\boldsymbol{X})\}} \tag{6.36}$$

时, (6.35) 中的主要项给出均方误差的近似差为负, 其中 $\mathrm{cv}\{\cdot\}$ 为变异系数. 该条件可用上述讨论的基于样本的估计进行检验. 这样, 当 $w^*(\boldsymbol{X})$ 和 $h(\boldsymbol{X})w^*(\boldsymbol{X})$ 强相关时, 采用标准化权重可以提供一个更好的估计. 除这些考虑之外, 采用标准化权重的一个主要优点是不需要知道 f 的比例常数. Hesterberg 告诫说在许多情况下采用标准化权重要比采用原始权重更差, 特别是当估计小概率时, 并推荐考虑在下面例 6.8 中描述的改进的重要性抽样方法 [284]. Casella 和 Robert 也讨论了重要性权重的多种使用方法.

采用重要性权重是 SIR 算法的回顾 (6.2.4 节), 值得将 $\hat{\mu}_{\mathrm{IS}}$ 的估计性质与 SIR 抽样的样本均值的性质作一下比较. 假设具有相应权重 $w(\boldsymbol{Y}_1),\cdots,w(\boldsymbol{Y}_m)$ 的一个初始样本 $\boldsymbol{Y}_1,\cdots,\boldsymbol{Y}_m$ 被重抽样得到 n 个 SIR 抽样 $\boldsymbol{X}_1,\cdots,\boldsymbol{X}_n$, 其中 $n<m$. 令 $\hat{\mu}_{\mathrm{SIR}}=\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}h(X_i)$ 为 μ 的 SIR 估计.

当关注点限制在 μ 的估计上时, 重要性抽样估计 $\hat{\mu}_{\mathrm{IS}}$ 通常优于 $\hat{\mu}_{\mathrm{SIR}}$. 为说明这一点, 注意到 $\mathrm{E}\{\hat{\mu}_{\mathrm{SIR}}\}=\mathrm{E}\{h(\boldsymbol{X}_i)\}=\mathrm{E}\{\mathrm{E}\{h(\boldsymbol{X}_i)|\boldsymbol{Y}_1,\cdots,\boldsymbol{Y}_m\}\}=\mathrm{E}\left\{\frac{\sum_{i=1}^{m}h(\boldsymbol{Y}_i)w^*(\boldsymbol{Y}_i)}{\sum_{i=1}^{m}w^*(\boldsymbol{Y}_i)}\right\}$ $=\mathrm{E}\{\hat{\mu}_{\mathrm{IS}}\}$. 因此 SIR 估计与 $\hat{\mu}_{\mathrm{IS}}$ 有相同的偏差. 然而, $\hat{\mu}_{\mathrm{SIR}}$ 的方差是

$$\begin{aligned}\mathrm{var}\{\hat{\mu}_{\mathrm{SIR}}\}&=\mathrm{E}\{\mathrm{var}\{\hat{\mu}_{\mathrm{SIR}}|\boldsymbol{Y}_1,\cdots,\boldsymbol{Y}_m\}\}+\mathrm{var}\{\mathrm{E}\{\hat{\mu}_{\mathrm{SIR}}|\boldsymbol{Y}_1,\cdots,\boldsymbol{Y}_m\}\}\\&=\mathrm{E}\{\mathrm{var}\{\hat{\mu}_{\mathrm{SIR}}|\boldsymbol{Y}_1,\cdots,\boldsymbol{Y}_m\}\}+\mathrm{var}\left\{\frac{\sum_{i=1}^{m}h(\boldsymbol{Y}_i)w^*(\boldsymbol{Y}_i)}{\sum_{i=1}^{m}w^*(\boldsymbol{Y}_i)}\right\}\\&\geqslant\mathrm{var}\{\hat{\mu}_{\mathrm{IS}}\}.\end{aligned}\tag{6.37}$$

这样 SIR 估计在牺牲精度下提供了方便.

任何重要性抽样方法的一个吸引人的特点就是重新使用模拟的可能性. 相同的抽样点和权重可用于计算多种不同量的 Monte Carlo 积分估计. 权重可以改变以反映一个可选择的重要性抽样包络, 以评价或改进估计本身的表现. 权重也可以改变以反映一个可选择的目标分布, 从而估计 $h(\boldsymbol{X})$ 关于一个不同密度的期望.

例如, 在 Bayes 分析中, 为了进行 Bayes 灵敏度分析或在新的信息下经由 Bayes 定理序贯更新先前的结果, 我们可以有效地更新基于某修正的后验分布的估计. 这样的更新可通过将每个存在的权重 $w^*(\boldsymbol{X}_i)$ 乘以一个调整因子而实现. 例如, 如果 f 是 $\boldsymbol{X}$ 采用先验 p_1 的一个后验分布, 那么对于 $i=1,\cdots,n$, 权重 $w(\boldsymbol{X}_i)p_2(\boldsymbol{X}_i)/p_1(\boldsymbol{X}_i)$ 可与现有样本一起用于提供采用先验 p_2 的后验分布的推断.

例 6.5 (网络失效概率) 许多系统都可用如图 6.8 的连通图来表示. 这些图由节点 (圈) 和边 (线段) 组成. 信号从 A 传送到 B 必须经由沿任何现有边的路径. 有缺陷的网络可靠性意味着信号可能无法在任一对连通节点之间正确传递 —— 也就是

说, 某些边可能断掉了. 为了让信号成功到达 B, 必须存在一条从 A 到 B 的连通路径. 例如, 图 6.9 给出了一个只保留 A 到 B 的少数路径的退化网络. 如果该图中最底下的水平边断掉了, 那么该网络就会失效.

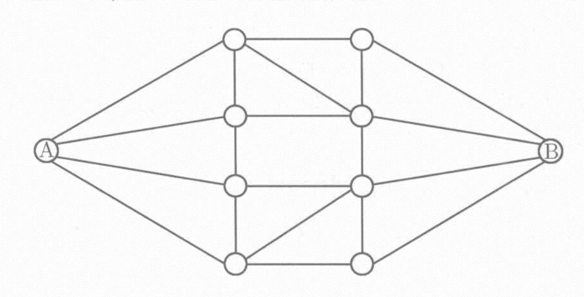


图 6.8　例 6.5 中描述的连接 A 和 B 的网络

网络图可用以对许多系统建模. 自然地, 这种网络可以对不同类型信号的传输建模, 例如模拟声音传输、电磁数字信号和数字数据的光传导. 这个模型也更多的是概念上的, 每条边代表为得到某结果需要参与的不同机器或人. 通常, 感兴趣的一个重要量是在给定每条边的特定失效概率下网络失效的概率.

考虑最简单的情况, 假设每条边以相同的概率 p 独立失效. 在许多信号处理应用中 p 可以是相当小的. 许多类型信号传输的比特误差率在 $10^{-10} \sim 10^{-3}$ 变动 [513].

令 $\boldsymbol{X}$ 表示一个网络, 汇总每条边的随机结果：完整无缺的或是失效的. 我们的例子里考虑的网络有 20 条潜在的边, 因此 $\boldsymbol{X} = (X_1, \cdots, X_{20})$. 令 $b(\boldsymbol{X})$ 表示 $\boldsymbol{X}$ 中断边的个数. 图 6.8 中的网络有 $b(\boldsymbol{X}) = 0$；图 6.9 中的网络有 $b(\boldsymbol{X}) = 10$. 令 $h(\boldsymbol{X})$ 表示网络失效, 因而如果 A 没有连接到 B, 则 $h(\boldsymbol{X}) = 1$, 而如果 A 和 B 是连通的, $h(\boldsymbol{X}) = 0$. 于是网络失效的概率为 $\mu = \mathrm{E}\{h(\boldsymbol{X})\}$. 对任一现实大小的网络, 计算 μ 会是一个非常困难的组合问题.

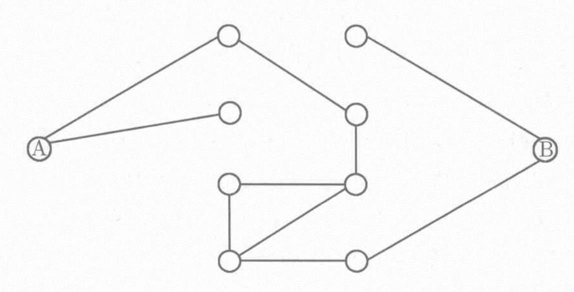


图 6.9　例 6.5 中描述的连接 A 和 B 的网络, 其中某些边断掉了

μ 的原始 Monte Carlo 估计是通过从所有可能网络结构的集合中独立均匀随机抽取的 $\boldsymbol{X}_1, \cdots, \boldsymbol{X}_n$ 而得到的, 其中网络的每条边以概率 p 独立失效. 估计如下

计算

$$\hat{\mu}_{\mathrm{MC}} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} h(\boldsymbol{X}_i). \tag{6.38}$$

注意到这个估计具有方差 $\mu(1-\mu)/n$. 对 $n = 100\ 000$ 和 $p = 0.05$, 模拟得到 $\hat{\mu}_{\mathrm{MC}} = 2.00 \times 10^{-5}$, 其中 Monte Carlo 标准误大约是 1.41×10^{-5}.

$\hat{\mu}_{\mathrm{MC}}$ 的问题是 $h(\boldsymbol{X})$ 极少是 1, 除非 p 不切实际的大. 因而, 为了以足够的精度估计 μ 就需要模拟很多的网络. 取而代之, 我们可以采用重要性抽样来关注使 $h(\boldsymbol{X}) = 1$ 的 $\boldsymbol{X}$ 的模拟, 并通过分配重要性权重修正该偏差. 随后的计算采用该策略, 并使用像 (6.27) 中那样的未标准化重要性权重.

假设我们通过断掉图 6.8 中的边形成网络结构来模拟 $\boldsymbol{X}_1^*, \cdots, \boldsymbol{X}_n^*$, 并假定独立边失效概率为 $p^* > p$. $\boldsymbol{X}_i^*$ 的重要性权重可以写成

$$w^*(\boldsymbol{X}_i^*) = \left(\frac{1-p}{1-p^*}\right)^{20} \left(\frac{p(1-p^*)}{p^*(1-p)}\right)^{b(\boldsymbol{X}_i^*)}, \tag{6.39}$$

且 μ 的重要性抽样估计为

$$\hat{\mu}_{\mathrm{IS}}^* = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} h(\boldsymbol{X}_i^*) w(\boldsymbol{X}_i^*). \tag{6.40}$$

令 $\mathcal{C}$ 表示所有可能网络结构的集合, 并令 $\mathcal{F}$ 表示 A 和 B 不连通的结构的子集. 那么

$$\begin{aligned}
\mathrm{var}\{\hat{\mu}_{\mathrm{IS}}^*\} &= \frac{1}{n}\mathrm{var}\{h(\boldsymbol{X}_i^*)w^*(\boldsymbol{X}_i^*)\} &(6.41)\\
&= \frac{1}{n}\left(\mathrm{E}\{[h(\boldsymbol{X}_i^*)w^*(\boldsymbol{X}_i^*)]^2\} - [\mathrm{E}\{h(\boldsymbol{X}_i^*)w^*(\boldsymbol{X}_i^*)\}]^2\right) &(6.42)\\
&= \frac{1}{n}\left(\sum_{\boldsymbol{x}\in\mathcal{F}} \left(w^*(\boldsymbol{x}) p^{b(\boldsymbol{x})}(1-p)^{20-b(\boldsymbol{x})}\right) - \mu^2\right). &(6.43)
\end{aligned}$$

现在, 对从图 6.8 得到的一个网络, 仅当 $b(\boldsymbol{X}) \geqslant 4$ 时发生失效. 因此,

$$w^*(\boldsymbol{X}) = \left(\frac{1-p}{1-p^*}\right)^{20} \left(\frac{p(1-p^*)}{p^*(1-p)}\right)^{4}. \tag{6.44}$$

当 $p^* = 0.25$ 且 $p = 0.05$ 时, 我们发现 $w^*(\boldsymbol{X}) \leqslant 0.07$. 这种情况下,

$$\begin{aligned}
\mathrm{var}\{\hat{\mu}_{\mathrm{IS}}^*\} &\leqslant \frac{1}{n}\left(0.07 \sum_{\boldsymbol{x}\in\mathcal{F}} p^{b(\boldsymbol{x})}(1-p)^{20-b(\boldsymbol{x})} - \mu^2\right) &(6.45)\\
&= \frac{1}{n}\left(0.07 \sum_{\boldsymbol{x}\in\mathcal{C}} h(\boldsymbol{x}) p^{b(\boldsymbol{x})}(1-p)^{20-b(\boldsymbol{x})} - \mu^2\right) &(6.46)\\
&= \frac{0.07\mu - \mu^2}{n}. &(6.47)
\end{aligned}$$

这样 $\text{var}\{\hat{\mu}_{\text{IS}}\}$ 充分地小于 $\text{var}\{\hat{\mu}_{\text{MC}}\}$. 对于较小的 μ 和相对较大的 c, 在 $c\mu-\mu^2 \approx c\mu$ 的近似下, 我们看出 $\text{var}\{\hat{\mu}_{\text{MC}}\}/\text{var}\{\hat{\mu}^*_{\text{IS}}\} \approx 14$.

用原始的模拟方法, $p = 0.05$ 时, 100 000 次模拟仅有 2 次失效. 然而, $p^* = 0.25$ 的重要性抽样方法抽出了 497 次失效的网络, 并得到 $\hat{\mu}^*_{\text{IS}} = 1.01 \times 10^{-5}$, Monte Carlo 标准误是 1.56×10^{-6}.

关于网络可靠性问题的相关 Monte Carlo 方差缩减技术详见 [366]. □

6.3.2 对偶抽样

Monte Carlo 积分方差缩减的第二种方法依赖于找到两个相同分布的无偏估计 $\hat{\mu}_1$ 和 $\hat{\mu}_2$, 二者是负相关的. 平均这些估计要优于用双倍的样本量单独使用其中一个估计, 因为估计

$$\hat{\mu}_{\text{AS}} = (\hat{\mu}_1 + \hat{\mu}_2)/2 \tag{6.48}$$

有方差

$$\text{var}\{\hat{\mu}_{\text{AS}}\} = \frac{1}{4}(\text{var}\{\hat{\mu}_1\} + \text{var}\{\hat{\mu}_2\}) + \frac{1}{2}\text{cov}\{\hat{\mu}_1, \hat{\mu}_2\} = \frac{(1+\rho)\sigma^2}{2n}, \tag{6.49}$$

其中 ρ 是两个估计的相关系数, σ^2/n 是任一估计在样本量 n 下的方差. 这种成对的估计可以采用**对偶抽样**方法生成 [264, 466].

给定一个初始估计 $\hat{\mu}_1$, 问题是如何构造第二个相同分布的、与 $\hat{\mu}_1$ 负相关的估计 $\hat{\mu}_2$. 在很多情况下, 构造这种估计的一个简便方法是再次使用大小为 n 的一个模拟样本, 而不是随便抽取第二个样本. 为描述这种方法, 我们必须首先引入一些记号. 令 $\boldsymbol{X}$ 表示独立同分布的随机变量的一个集合 $\{\boldsymbol{X}_1, \cdots, \boldsymbol{X}_n\}$. 假设 $\hat{\mu}_1(\boldsymbol{X}) = \sum_{i=1}^n h_1(\boldsymbol{X}_i)/n$, 其中 h_1 是一个有 m 个自变量的实值函数, 这样 $h_1(\boldsymbol{X}_i) = h_1(X_{i1}, \cdots, X_{im})$. 假定 $\text{E}\{h_1(\boldsymbol{X}_i)\} = \mu$. 令 $\hat{\mu}_2(\boldsymbol{X}) = \sum_{i=1}^n h_2(\boldsymbol{X}_i)/n$ 为第二个估计, 其中 h_2 有类似的假设.

我们将证明如果 h_1 和 h_2 在每个参数上同时增加 (或减少), 那么 $\text{cov}\{h_1(\boldsymbol{X}_i), h_2(\boldsymbol{X}_i)\}$ 是正的. 从这一结果, 我们能够决定 h_1 和 h_2 保证 $\text{cor}\{\hat{\mu}_1, \hat{\mu}_2\}$ 是负的所需要的条件.

证明通过归纳进行. 假定上面的假设成立且 $m = 1$. 那么对任意的随机变量 X 和 Y

$$[h_1(X) - h_1(Y)][h_2(X) - h_2(Y)] \geqslant 0. \tag{6.50}$$

因此, (6.50) 左手边的期望也是非负的. 那么, 当 X 和 Y 独立同分布时, 这个非负期望意味着

$$\text{cov}\{h_1(X_i), h_2(X_i)\} \geqslant 0. \tag{6.51}$$

现在, 假设当 $\boldsymbol{X}_i$ 是一个长度为 $m-1$ 的随机向量时所要的结果成立, 且考虑当 $\boldsymbol{X}_i=(X_{i1},\cdots,X_{im})$ 的情况. 那么, 由假设可知, 随机变量

$$\operatorname{cov}\{h_1(\boldsymbol{X}_i),h_2(\boldsymbol{X}_i)|\boldsymbol{X}_{im}\}\geqslant 0. \tag{6.52}$$

取这个不等式的期望, 得到

$$\begin{aligned}0\leqslant&\mathrm{E}\{\mathrm{E}\{h_1(\boldsymbol{X}_i)h_2(\boldsymbol{X}_i)|X_{im}\}\}-\mathrm{E}\{\mathrm{E}\{h_1(\boldsymbol{X}_i)|X_{im}\}\mathrm{E}\{h_2(\boldsymbol{X}_i)|X_{im}\}\}\\ \leqslant&\mathrm{E}\{h_1(\boldsymbol{X}_i)h_2(\boldsymbol{X}_i)\}-\mathrm{E}\{\mathrm{E}\{h_1(\boldsymbol{X}_i)|X_{im}\}\}\mathrm{E}\{\mathrm{E}\{h_2(\boldsymbol{X}_i)|X_{im}\}\}\\ =&\operatorname{cov}\{h_1(\boldsymbol{X}_i),h_2(\boldsymbol{X}_i)\},\end{aligned} \tag{6.53}$$

其中 (6.53) 式右侧乘积中项的替换遵循了以下事实: 对 $j=1,2$, 每个 $\mathrm{E}\{h_j(\boldsymbol{X}_i)|X_{im}\}$ 是单一随机自变量 X_{im} 的一个函数, 且适用于结果 (6.51).

因此, 我们通过归纳证明了 $h_1(\boldsymbol{X}_i)$ 和 $h_2(\boldsymbol{X}_i)$ 在这些情况下是正相关的; 由此可知 $\hat{\mu}_1$ 和 $\hat{\mu}_2$ 也是正相关的. 我们留给读者来证实如下关键推论: 如果 h_1 和 h_2 是 m 个随机变量 $U_1,\cdots,U_m$ 的函数, 并且如果每个函数在每个自变量上是单调的, 那么 $\operatorname{cov}\{h_1(U_1,\cdots,U_m),h_2(1-U_1,\cdots,1-U_m)\}\leqslant 0$. 我们从前面的证明中可简单推出这个结果: 重新定义 h_1 和 h_2 以构造两个关于它们的自变量增加的函数, 这些自变量满足前面的假设. 见问题 6.5.

现在对偶抽样方法变得明显了. Monte Carlo 积分估计 $\hat{\mu}_1(\boldsymbol{X})$ 可以写成

$$\hat{\mu}_1(\boldsymbol{X})=\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}h_1(F_1^{-1}(U_{i1}),\cdots,F_m^{-1}(U_{im})), \tag{6.54}$$

其中 F_j 是每个 $X_{ij}(j=1,\cdots,m)$ 的累积分布函数且 U_{ij} 是独立的 $\mathrm{Unif}(0,1)$ 随机变量. 由于 F_j 是累积分布函数, 它的逆函数非减. 因此, 只要 h_1 在它的自变量上是单调的, $h_1(F_1^{-1}(U_{i1}),\cdots,F_m^{-1}(U_{im}))$ 在每个 U_{ij} 上也是单调的, $j=1,\cdots,m$. 此外, 如果 $U_{ij}\sim\mathrm{Unif}(0,1)$, 那么 $1-U_{ij}\sim\mathrm{Unif}(0,1)$. 因此, $h_1(\boldsymbol{U}_i)=h_2(F_1^{-1}(1-U_{i1}),\cdots,F_m^{-1}(1-U_{im}))$ 在每个自变量上是单调的且与 $h_1(F_1^{-1}(U_{i1}),\cdots,F_m^{-1}(U_{im}))$ 有相同的分布. 所以

$$\hat{\mu}_2(\boldsymbol{X})=\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}h_1(F_1^{-1}(1-U_{i1}),\cdots,F_m^{-1}(1-U_{im})) \tag{6.55}$$

是 μ 的第二个估计, 它有与 $\hat{\mu}_1(\boldsymbol{X})$ 相同的分布. 我们以上的分析使我们得出结论

$$\operatorname{cov}\{\hat{\mu}_1(\boldsymbol{X}),\hat{\mu}_2(\boldsymbol{X})\}\leqslant 0. \tag{6.56}$$

所以, 估计 $\hat{\mu}_{\mathrm{AS}}=(\hat{\mu}_1+\hat{\mu}_2)/2$ 会比 $\hat{\mu}_1$ 的方差更小, 并会有大小为 $2n$ 的一个样本. 等式 (6.49) 量化了改进的量. 我们在仅产生 n 个随机数的单一集合, 并从对偶原理得到其他的 n 个的同时实现了这样的改进.

例 6.6 (正态期望) 假设 X 有一个标准正态分布, 且我们希望估计 $\mu = \mathrm{E}\{h(X)\}$, 其中 $h(x) = x/(2^x - 1)$. 一个标准 Monte Carlo 估计可以计算为 $n = 100\ 000$ 个 $h(X_i)$ 值的样本均值, 其中 $X_1, \cdots, X_n \sim \text{i.i.d.}\ N(0,1)$. 一个对偶估计可以用前 $n = 50\ 000$ 个样本来构造. X_i 的对偶变量仅仅是 $-X_i$, 所以对偶估计是 $\hat{\mu}_{\mathrm{AS}} = \sum_{i=1}^{50\ 000} [h(X_i) + h(-X_i)]/100\ 000$. 在模拟中, $\widehat{\mathrm{cor}}\{t(X_i), t(-X_i)\} = -0.95$, 所以对偶方法是有利可图的. 标准方法求得 $\hat{\mu}_{\mathrm{MC}} = 1.499\ 3$, 其 Monte Carlo 标准误是 0.001 6, 而对偶方法得到 $\hat{\mu}_{\mathrm{AS}} = 1.499\ 2$, 其标准误是 0.000 3 (用样本方差和相关系数通过 (6.49) 估计). 进一步的模拟证实了对偶方法的标准误有 4 倍多的缩减. □

例 6.7 (网络失效概率, 续) 回顾例 6.5, 令第 i 个模拟网络 $\boldsymbol{X}_i$ 是由标准均匀随机变量 $U_{i1}, \cdots, U_{im}$ 决定的, 其中 $m = 20$. 如果 $U_{ij} < p$, 那么第 i 个模拟网络的第 j 条边是断掉的. 现在如果 A 和 B 不连通, 那么 $h(\boldsymbol{X}_i) = h(U_{i1}, \cdots, U_{im})$ 等于 1, 如果连通则等于 0. 注意到 h 在每个 U_{ij} 上是非减的; 因此对偶方法将是有利可图的. 因为 $\boldsymbol{X}_i$ 是通过当 $U_{ij} < p$ 时断掉第 j 条边得到的, 其中 $j = 1, \cdots, m$, 对用来生成 $\boldsymbol{X}_i$ 的 U_{ij} 的同一集合, 对偶网络抽样 $\boldsymbol{X}_i^*$ 是通过当 $U_{ij} > 1 - p$ 时断掉第 j 条边得到的. 这种方法导致的负相关将保证 $\frac{1}{2n}\left(\sum_{i=1}^{n} h(\boldsymbol{X}_i) + h(\boldsymbol{X}_i^*)\right)$ 是一个优于 $\frac{1}{2n}\sum_{i=1}^{2n} h(\boldsymbol{X}_i)$ 的估计. □

6.3.3 控制变量

控制变量方法通过将估计量与某相关的积分估计 (其值已知) 关联以改进某未知积分的估计. 假设希望估计未知量 $\mu = \mathrm{E}\{h(\boldsymbol{X})\}$, 并且我们知道一个相关的量 $\theta = \mathrm{E}\{c(\boldsymbol{Y})\}$, 它的值能够解析确定. 令 $(\boldsymbol{X}_1, \boldsymbol{Y}_1), \cdots, (\boldsymbol{X}_n, \boldsymbol{Y}_n)$ 表示独立观测为模拟结果的随机变量对, 因而当 $i \neq j$ 时, $\mathrm{cov}\{\boldsymbol{X}_i, \boldsymbol{X}_j\} = \mathrm{cov}\{\boldsymbol{Y}_i, \boldsymbol{Y}_j\} = \mathrm{cov}\{\boldsymbol{X}_i, \boldsymbol{Y}_j\} = 0$. 简单 Monte Carlo 估计是 $\hat{\mu}_{\mathrm{MC}} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} h(\boldsymbol{X}_i)$ 和 $\hat{\theta}_{\mathrm{MC}} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} c(\boldsymbol{Y}_i)$. 当然, $\hat{\theta}_{\mathrm{MC}}$ 是不必要的, 因为 θ 能够解析得到. 然而, 注意到当 $\mathrm{cor}\{h(\boldsymbol{X}_i), c(\boldsymbol{Y}_i)\} \neq 0$ 时, $\hat{\mu}_{\mathrm{MC}}$ 和 $\hat{\theta}_{\mathrm{MC}}$ 是相关的. 例如, 如果相关系数为正, $\hat{\theta}_{\mathrm{MC}}$ 的一个显著高的结果应该倾向于与 $\hat{\mu}_{\mathrm{MC}}$ 的一个显著高的结果关联. 如果 $\hat{\theta}_{\mathrm{MC}}$ 与 θ 的比较给出这样一个结果, 那么我们应该相应地向下调整 $\hat{\mu}_{\mathrm{MC}}$. 当相关系数为负时, 应作相反的调整.

此推理提出了控制变量估计

$$\hat{\mu}_{\mathrm{CV}} = \hat{\mu}_{\mathrm{MC}} + \lambda(\hat{\theta}_{\mathrm{MC}} - \theta), \tag{6.57}$$

其中 λ 是需要使用者选择的一个参数. 可以直接证明

$$\mathrm{var}\{\hat{\mu}_{\mathrm{CV}}\} = \mathrm{var}\{\hat{\mu}_{\mathrm{MC}}\} + \lambda^2 \mathrm{var}\{\hat{\theta}_{\mathrm{MC}}\} + 2\lambda \mathrm{cov}\{\hat{\mu}_{\mathrm{MC}}, \hat{\theta}_{\mathrm{MC}}\}. \tag{6.58}$$

将该值关于 λ 最小化给出最小方差,

$$\min_{\lambda}(\text{var}\{\hat{\mu}_{\text{CV}}\}) = \text{var}\{\hat{\mu}_{\text{MC}}\} - \frac{\left(\text{cov}\{\hat{\mu}_{\text{MC}}, \hat{\theta}_{\text{MC}}\}\right)^2}{\text{var}\{\hat{\theta}_{\text{MC}}\}}, \tag{6.59}$$

当

$$\lambda = \frac{-\text{cov}\{\hat{\mu}_{\text{MC}}, \hat{\theta}_{\text{MC}}\}}{\text{var}\{\hat{\theta}_{\text{MC}}\}} \tag{6.60}$$

时达到. 这个最优的 λ 依赖于 $h(\boldsymbol{X}_i)$ 和 $c(\boldsymbol{Y}_i)$ 的未知矩, 但它们可用样本 $(\boldsymbol{X}_1, \boldsymbol{Y}_1), \cdots, (\boldsymbol{X}_n, \boldsymbol{Y}_n)$ 来估计. 特别地, 在 (6.60) 中使用

$$\widehat{\text{var}}\{\hat{\theta}_{\text{MC}}\} = \sum_{i=1}^{n} \frac{[c(\boldsymbol{Y}_i) - \bar{c}]^2}{n(n-1)} \tag{6.61}$$

和

$$\widehat{\text{cov}}\{\hat{\mu}_{\text{MC}}, \hat{\theta}_{\text{MC}}\} = \sum_{i=1}^{n} \frac{[h(\boldsymbol{X}_i) - \bar{h}][c(\boldsymbol{Y}_i) - \bar{c}]}{n(n-1)} \tag{6.62}$$

可得到一个估计 $\hat{\lambda}$, 其中 $\bar{c} = \frac{1}{n}\sum\limits_{i=1}^{n} c(\boldsymbol{Y}_i)$ 且 $\bar{h} = \frac{1}{n}\sum\limits_{i=1}^{n} h(\boldsymbol{Y}_i)$. 进一步地, 将这些样本方差和协方差估计代入到 (6.59) 的右边可得到 $\hat{\mu}_{\text{CV}}$ 的一个方差估计.

实际上, $\hat{\mu}_{\text{MC}}$ 和 $\hat{\theta}_{\text{MC}}$ 通常依赖于相同的随机变量, 所以 $\boldsymbol{X}_i = \boldsymbol{Y}_i$. 同样, 使用多于一个的控制变量也是可能的. 这种情况下, 当使用 m 个控制变量时, 我们可以将估计量写成 $\hat{\mu}_{\text{CV}} = \hat{\mu}_{\text{MC}} + \sum\limits_{j=1}^{m} \lambda_j(\hat{\theta}_{\text{MC},j} - \theta_j)$.

等式 (6.59) 表明使用 $\hat{\mu}_{\text{CV}}$ 代替 $\hat{\mu}_{\text{MC}}$ 得到的方差缩减比例等于 $\hat{\mu}_{\text{MC}}$ 和 $\hat{\theta}_{\text{MC}}$ 的相关系数的平方. 如果这个结果听起来熟悉, 那么你经敏锐地注意到与简单线性回归的一个相似之处了. 考虑回归模型 $\text{E}\{h(\boldsymbol{X}_i)|\boldsymbol{Y}_i = \boldsymbol{y}_i\} = \beta_0 + \beta_1 c(\boldsymbol{y}_i)$, 且有着通常的回归假设和估计. 则 $\hat{\lambda} = -\hat{\beta}_1$ 且 $\hat{\mu}_{\text{MC}} + \lambda(\hat{\theta}_{\text{MC}} - \theta) = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1\theta$. 也就是说, 控制变量估计是回归线在自变量均值 (即在 θ) 处的拟合值, 且该控制变量估计的标准误是回归拟合值的标准误. 因而, 线性回归软件可用于求出控制变量估计和一个对应的置信区间. 当使用多个控制变量时, 可以使用多元线性回归求出 $\hat{\lambda}_i (i = 1, \cdots, m)$ 和 $\hat{\mu}_{\text{CV}}$[466].

问题 6.5 要求你指出方差缩减的对偶方法可以看成控制变量方法的一种特殊情况.

例 6.8 (重要性抽样的一个控制变量) Hesterberg 建议使用一个控制变量估计来改进重要性抽样 [284]. 重要性抽样是建立在从一个包络中抽样的想法上的, 该想法

引出了 $h(\boldsymbol{X})w^*(\boldsymbol{X})$ 和 $w^*(\boldsymbol{X})$ 间的一个相互关系. 此外, 我们知道 $\mathrm{E}\{w^*(\boldsymbol{X})\}=1$. 因此, 这种情况下很适合使用控制变量 $\bar{w}^*=\sum_{i=1}^{n} w^*(\boldsymbol{X}_i)/n$. 如果平均权重超过 1, 那么 $h(\boldsymbol{X})w^*(\boldsymbol{X})$ 的平均值也可能显著地高, 这种情况下, $\hat{\mu}_{\mathrm{IS}}$ 可能与它的期望 μ 不同. 因此, 重要性抽样控制变量估计是

$$\hat{\mu}_{\mathrm{ISCV}}=\hat{\mu}_{\mathrm{IS}}^*+\lambda(\bar{w}^*-1). \tag{6.63}$$

λ 值和 $\hat{\mu}_{\mathrm{ISCV}}$ 的标准误可以像前面描述的那样从 $h(\boldsymbol{X})w^*(\boldsymbol{X})$ 关于 $w^*(\boldsymbol{X})$ 的一个回归中估计得到. 像使用标准化权重的 $\hat{\mu}_{\mathrm{IS}}$ 一样, 估计 $\hat{\mu}_{\mathrm{ISCV}}$ 有 $\mathcal{O}(1/n)$ 阶的偏差, 但是通常比 (6.27) 中给出的带未标准化权重的重要性抽样估计 $\hat{\mu}_{\mathrm{IS}}^*$ 有较低的均方误差. □

例 6.9 (期权定价) 看涨期权是一种金融工具, 它给持有者权利 (而不是义务) 在特定的到期日或之前, 以特定的价格购买特定数量的金融资产. 在欧式看涨期权中, 期权只能在到期日执行. 执行价格是指期权执行时完成交易的价格. 令 $S^{(t)}$ 表示基本金融资产 (比如, 股票) 在时刻 t 的价格. 记执行价格为 K, 并令 T 表示到期日. 当时刻 T 到达时, 如果 $K>S^{(T)}$, 看涨期权的持有者不希望执行他的期权, 因为他在公开市场能更便宜地得到股票. 然而, 当 $K<S^{(T)}$ 时期权就有价值了, 因为他能以低价 K 购得股票并且立即以更高的市场价格 $S^{(T)}$ 卖掉它. 重要的是要确定该看涨期权的购买者在到期日 T 和执行价格 K 下, 在时刻 $t=0$ 应该花费多少钱购买该期权.

由 Black, Scholes 和 Merton 在 1973 年引入的诺贝尔获奖模型提供了一种使用随机微分方程确定期权合理价格的通用方法 [46, 390]. 期权定价和金融随机微分的进一步背景参见 [160, 346, 498, 566].

期权的合理价格就是在时刻 $t=0$ 时付的钱能准确平衡在到期日的预期盈余. 我们将考虑最简单的情况：一个无分红股票的欧式看涨期权. 该期权的合理价格能在 Black-Scholes 模型下解析确定, 但通过 Monte Carlo 方法得到的合理价格的估计是一个有益的起始点. 根据 Black-Scholes 模型, 在 T 日的股票价值可以由

$$S^{(T)}=S^{(0)}\exp\left\{\left(r-\frac{\sigma^2}{2}\right)\frac{T}{365}+\sigma Z\sqrt{\frac{T}{365}}\right\} \tag{6.64}$$

模拟得到, 其中 r 是无风险回报利率 (通常是在 $T-1$ 日到期的美国短期国库券的回报利率), σ 是股票的波动率 (一个按年计算的 $\log(S^{(t+1)}/S^{(t)})$ 的标准差的估计). 如果我们知道在 T 日的股票价格等于 $S^{(T)}$, 那么看涨期权的合理价格就是

$$C=\exp\{-rT/365\}\max\{0,S^{(T)}-K\}, \tag{6.65}$$

折算盈余到现值. 因为 $S^{(T)}$ 对于期权的购买者是未知的, 在 $t=0$ 时购买的合理价格就是折算盈余的期望值, 即 $\mathrm{E}\{C\}$. 因此, 在 $t=0$ 时购买的合理价格的 Monte

Carlo 估计是

$$\bar{C} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} C_i, \tag{6.66}$$

其中 $C_i, i=1,\cdots,n$, 是从 (6.64) 和 (6.65) 中使用标准正态偏差的一个独立同分布的样本 $Z_1,\cdots,Z_n$ 模拟得到的.

因为这个例子中真实的合理价格 $\mathrm{E}\{C\}$ 可以解析计算得到, 所以不需要应用 Monte Carlo 方法. 然而, 一个欧式看涨期权的特殊样式, 称为亚氏、路径依赖或者平均价格期权, 有贯穿持有期基于基本股票平均价格的盈余. 这样的期权对能源和商品的消费者是有吸引力的, 因为随时间的流逝, 他们倾向于接受平均价格. 因为求平均的过程削减了波动率, 亚氏期权也倾向于比标准期权便宜. 控制变量和许多其他的方差缩减方法对像这类期权的 Monte Carlo 定价在 [53] 中有研究.

为了模拟亚氏看涨期权的合理价格, 连续 T 次应用 (6.64) 进行到期日股票值的模拟, 每次将股票价格推进一天并且记录下那天模拟的结束价格, 这样

$$S^{(t+1)} = S^{(t)}\exp\left\{\frac{r-\sigma^2/2}{365} + \frac{\sigma Z^{(t)}}{\sqrt{365}}\right\}, \tag{6.67}$$

其中 $\{Z^{(t)}\}$ 为标准正态偏差序列, $t=0,\cdots,T-1$. 当前价格为 $S^{(0)}$ 的股票的亚氏看涨期权在 T 日的折算盈余可以定义为

$$A = \exp\{-rT/365\}\max\{0, \bar{S}-K\}, \tag{6.68}$$

其中 $\bar{S} = \sum_{t=1}^{\mathrm{T}} S^{(t)}/T$ 且 $S^{(t)}, t=1,\cdots,T$, 是代表平均时刻的期货股票价格的随机变量. 在 $t=0$ 时购买的合理价格是 $\mathrm{E}\{A\}$, 但这种情况下没有已知的解析解. 记某亚氏看涨期权合理价格的标准 Monte Carlo 估计为

$$\hat{\mu}_{\mathrm{MC}} = \bar{A} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} A_i, \tag{6.69}$$

其中 A_i 像上面描述那样独立模拟得到.

如果 (6.68) 中的 $\bar{S}$ 被贯穿持有期的基本股票价格的几何平均所代替, 便能找到 $\mathrm{E}\{A\}$ 的一个解析解 [324]. 合理价格于是为

$$\theta = S^{(0)}\Phi(c_1)\exp\left\{-T\left(r+\frac{c_3\sigma^2}{6}\right)\frac{1-1/N}{730}\right\} - K\Phi(c_1-c_2)\exp\{-rT/365\}, \tag{6.70}$$

其中

$$
\begin{aligned}
c_1 &= \frac{1}{c_2}\left[\log\left\{\frac{S^{(0)}}{K}\right\} + \left(\frac{c_3 T}{730}\right)\left(r - \frac{\sigma^2}{2}\right) + \frac{c_3\sigma^2 T}{1\,095}\left(1 + \frac{1}{2N}\right)\right], \\
c_2 &= \sigma\left[\frac{c_3 T}{1\,095}\left(1 + \frac{1}{2N}\right)\right]^{1/2}, \\
c_3 &= 1 + 1/N,
\end{aligned}
$$

Φ 是标准正态累积分布函数, 且 N 是求平均的价格的个数. 另一方面, 可以采用上面描述的同类 Monte Carlo 方法并用几何平均估计某亚氏看涨期权的合理价格. 记该 Monte Carlo 估计为 $\hat{\theta}_{\mathrm{MC}}$.

估计 $\hat{\theta}_{\mathrm{MC}}$ 构成了 μ 的估计的一个很好的控制变量. 令 $\hat{\mu}_{\mathrm{CV}} = \hat{\mu}_{\mathrm{MC}} + \lambda(\hat{\theta}_{\mathrm{MC}} - \theta)$. 因为我们预料到亚氏期权的两种合理价格 (算术和几何平均价格) 是高度相关的, 故一个合理的初始推测是取 $\lambda = -1$.

考虑具有基于持有期算术平均价格的盈余的某欧式期权. 假设基本股票的当前价格 $S^{(0)} = 100$, 执行价格 $K = 102$, 以及波动率 $\sigma = 0.3$. 假设还有 50 天到到期日, 这种到期日价格的模拟需要 (6.67) 的 50 次迭代. 假设无风险回报利率是 $r = 0.05$. 那么, 类似的几何平均价格期权的合理价格为 1.82. 模拟表明算术平均价格期权的真实合理价格粗略是 $\mu = 1.876$. 采用 $n = 100\,000$ 次模拟, 我们可以用 $\hat{\mu}_{\mathrm{MC}}$ 或 $\hat{\mu}_{\mathrm{CV}}$ 来估计 μ, 两个估计给出的结果都在 μ 附近. 但重要的是 μ 的估计的标准误. 我们重复整个 Monte Carlo 估计过程 100 次, 求出 $\hat{\mu}_{\mathrm{MC}}$ 和 $\hat{\mu}_{\mathrm{CV}}$ 的 100 个值. $\hat{\mu}_{\mathrm{MC}}$ 值的样本标准差是 0.010 7, 而 $\hat{\mu}_{\mathrm{CV}}$ 值的样本标准差是 0.000 295. 因此, 控制变量方法提供的估计的标准误要小 36 倍.

最后, 考虑利用 (6.60) 式从模拟中估计 λ. 重复如上的同样试验, $\hat{\mu}_{\mathrm{MC}}$ 和 $\hat{\theta}_{\mathrm{MC}}$ 的相关系数是 0.999 9. $\hat{\lambda}$ 的均值是 $-1.021\,7$, 样本标准差是 0.000 1. 利用在每次模拟中得到的 λ 来产生各个 $\hat{\mu}_{\mathrm{MC}}$, 得到 100 个 $\hat{\mu}_{\mathrm{MC}}$ 值的一个集合, 其标准差为 0.000 168. 它代表了在标准误上比 $\hat{\mu}_{\mathrm{MC}}$ 有 63 倍的改进. □

6.3.4 Rao-Blackwellization

我们已经利用从 f 中随机抽取的样本 $\boldsymbol{X}_1, \cdots, \boldsymbol{X}_n$ 考虑了 $\mu = \mathrm{E}\{h(\boldsymbol{X})\}$ 的估计. 假设每个 $\boldsymbol{X}_i = (\boldsymbol{X}_{i1}, \boldsymbol{X}_{i2})$ 且条件期望 $\mathrm{E}\{h(\boldsymbol{X}_i)|\boldsymbol{x}_{i2}\}$ 可以解析求解. 为了提供 $\hat{\mu}_{\mathrm{MC}}$ 的一个替代估计, 我们可以利用 $\mathrm{E}\{h(\boldsymbol{X}_i)\} = \mathrm{E}\{\mathrm{E}\{h(\boldsymbol{X}_i)|\boldsymbol{X}_{i2}\}\}$, 其中外层期望是关于 $\boldsymbol{X}_{i2}$ 的分布求取的. Rao-Blackwellized 估计可以定义为

$$
\hat{\mu}_{\mathrm{RB}} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} \mathrm{E}\{h(\boldsymbol{X}_i)|\boldsymbol{X}_{i2}\}, \tag{6.71}
$$

且它有与通常的 Monte Carlo 估计 $\hat{\mu}_{\mathrm{MC}}$ 一样的均值. 注意到由条件方差公式,

$$
\mathrm{var}\{\hat{\mu}_{\mathrm{MC}}\} = \frac{1}{n}\mathrm{var}\{\mathrm{E}\{h(\boldsymbol{X}_i)|\boldsymbol{X}_{i2}\}\} + \frac{1}{n}\mathrm{E}\{\mathrm{var}\{h(\boldsymbol{X}_i)|\boldsymbol{X}_{i2}\}\} \geqslant \mathrm{var}\{\hat{\mu}_{\mathrm{RB}}\} \tag{6.72}
$$

成立. 因此, $\hat{\mu}_{\text{RB}}$ 在均方误差方面优于 $\hat{\mu}_{\text{MC}}$. 通常称此条件化过程为 Rao-Blackwellization, 因为它使用了 Rao-Blackwell 定理, 该定理指出我们可以通过将一个无偏估计关于充分统计量取条件化以缩减其方差 [81]. 关于对 Monte Carlo 方法的 Rao-Blackwellization 的进一步研究参见 [84, 191, 431, 459, 460].

例 6.10 (拒绝抽样的 Rao-Blackwellization) Rao-Blackwellize 拒绝抽样的一般方法是由 Casella 和 Robert 描述的 [84]. 在通常的拒绝抽样中, 备选样本 $Y_1, \cdots, Y_M$ 是序贯生成的, 并且其中某些被拒绝. 均匀随机变量 $U_1, \cdots, U_M$ 提供了拒绝决策, 如果 $U_i > w^*(Y_i)$, 则拒绝 Y_i, 其中 $w^*(Y_i) = f(\boldsymbol{Y}_i)/e(Y_i)$. 拒绝抽样在随机次数 M 处停止, 这时接受了第 n 个抽样, 得到 $X_1, \cdots, X_n$. 于是通常的 Monte Carlo 估计 $\mu = \text{E}\{h(X)\}$ 可重新表示为

$$\hat{\mu}_{\text{MC}} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{M} h(Y_i) 1_{\{U_i \leqslant w^*(Y_i)\}}, \tag{6.73}$$

它提出了一个吸引人的可能性, 那就是 $\hat{\mu}_{\text{MC}}$ 能通过使用所有的备选 Y_i 抽样 (适当加权) 而不只用接受的抽样以某种方式得到改进.

(6.73) 式的 Rao-Blackwellization 产生估计

$$\hat{\mu}_{\text{RB}} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{M} h(Y_i) t_i(\boldsymbol{Y}), \tag{6.74}$$

其中 $t_i(\boldsymbol{Y})$ 是依照

$$\begin{aligned} t_i(\boldsymbol{Y}) &= \text{E}\{1_{\{U_i \leqslant w^*(Y_i)\}} | M, Y_1, \cdots, Y_M\} \\ &= P[U_i < w^*(Y_i) | M, Y_1, \cdots, Y_M] \end{aligned} \tag{6.75}$$

依赖于 $\boldsymbol{Y} = (Y_1, \cdots, Y_M)$ 和 M 的随机量. 现在 $t_M(\boldsymbol{Y}) = 1$, 因为最后的备选抽样被接受了. 对之前的备选抽样, (6.75) 式中的概率可以通过在已获得的样本子集的排列上求平均找到 [84]. 我们得到

$$t_i(\boldsymbol{Y}) = \frac{w^*(Y_i) \sum\limits_{A \in \mathcal{A}_i} \prod\limits_{j \in A} w^*(Y_j) \prod\limits_{j \notin A} [1 - w^*(Y_j)]}{\sum\limits_{B \in \mathcal{B}} \prod\limits_{j \in B} w^*(Y_j) \prod\limits_{j \notin B} [1 - w^*(Y_j)]}, \tag{6.76}$$

其中 $\mathcal{A}_i$ 是包含 $n-2$ 个元素的 $\{1, \cdots, i-1, i+1, \cdots, M-1\}$ 的所有子集的集合, 而 $\mathcal{B}$ 是包含 $n-1$ 个元素 $\{1, \cdots, M-1\}$ 的所有子集的集合. Casella 和 Robert 给出了一个计算 $t_i(\boldsymbol{Y})$ 的递归公式, 但它难以执行, 除非 n 相当小.

注意到这里使用的条件变量是统计充分的, 因为 $U_1, \cdots, U_M$ 的条件分布不依赖于 f. $\hat{\mu}_{\text{RB}}$ 和 $\hat{\mu}_{\text{MC}}$ 都是无偏的; 因此, Rao-Blackwell 定理意味着 $\hat{\mu}_{\text{RB}}$ 比 $\hat{\mu}_{\text{MC}}$ 有更小的方差. □

问　　题

6.1 对例 5.1 中给定的参数值, 考虑例中找到的积分 (5.7) 式. 找一条简单拒绝抽样包络, 当用它来生成来自与被积函数成比例的密度的抽样时, 将产生极少数拒绝抽样.

6.2 考虑对数凹标准正态密度的自适应拒绝抽样使用的分段指数包络. 对于基于切线的包络, 假设你被限定在偶数个节点 $\pm c_1, \cdots, \pm c_n$ 上. 对于不需要切线信息的包络, 假设你被限定在奇数个节点 $0, \pm d_1, \cdots, \pm d_n$ 上. 下面的问题需要使用类似第 2 章中的方法进行最优化.

(a) 对 $n = 1, 2, 3, 4, 5$, 找出基于切线包络的节点的最优布局.

(b) 对 $n = 1, 2, 3, 4, 5$, 找出不需要切线包络的节点的最优布局.

(c) 画出这些包络; 也画出两种包络的拒绝抽样损耗对节点数的图. 评论所得结果.

6.3 当 X 有与 $q(x) = \exp\{-|x|^3/3\}$ 成比例的密度时, 考虑找出 $\sigma^2 = \mathrm{E}\{X^2\}$.

(a) 利用带标准化权重的重要性抽样估计 σ^2.

(b) Philippe 和 Robert 描述了一种替代重要性权重平均化的方法: 它使用了随机节点的 Riemann 和方法 [430, 431]. 当抽样 $X_1, \cdots, X_n$ 来自 f 时, $\mathrm{E}\{h(X)\}$ 的一个估计为

$$\sum_{i=1}^{n-1}(X_{[i+1]} - X_{[i]})h(X_{[i]})f(X_{[i]}), \tag{6.77}$$

其中 $X_{[1]} \leqslant \cdots \leqslant X_{[n]}$ 是 $X_1, \cdots, X_n$ 的有序样本. 该估计比简单 Monte Carlo 估计收敛更快. 当 $f = cq$ 且归一化常数 c 未知时, 则

$$\frac{\sum\limits_{i=1}^{n-1}(X_{[i+1]} - X_{[i]})h(X_{[i]})q(X_{[i]})}{\sum\limits_{i=1}^{n-1}(X_{[i+1]} - X_{[i]})q(X_{[i]})} \tag{6.78}$$

估计 $\mathrm{E}\{h(X)\}$, 注意到分母估计了 $1/c$. 使用这种策略估计 σ^2, 事后把它应用到 (a) 得到的输出中.

(c) 完成一次重复模拟试验来比较 (a) 和 (b) 中两个估计的表现. 讨论所得结果.

6.4 图 6.10 显示了 1851 到 1962 年间每年的煤矿灾难次数数据, 可以从本书的网站上找到. 这些数据最早出现在 [368] 中并在 [306] 中得到修正. 我们考虑的数据的表格在 [79] 中给出. 对这些数据的其他分析见 [378, 443].

每年的事故率在 1900 年左右出现下降, 因此我们考虑这些数据的一个拐点模型. 设在 1851 年$\theta = 1$, 其后依次索引每年, 则在 1962 年 $\theta = 112$. 令 X_i 为第 i 年的事故数, 其中 $X_1, \cdots, X_\theta \sim \text{i.i.d.}\,\text{Poisson}(\lambda_1)$ 且 $X_{\theta+1}, \cdots, X_{112} \sim \text{i.i.d.}\,\text{Poisson}(\lambda_2)$. 该模型有参数 θ, λ_1 和 λ_2. 下面是对该模型 Bayes 分析的三个先验集. 在每种情况, 考虑从先验集中抽样作为应用 SIR 算法模拟模型参数后验的第一步. 首要的是对假设的拐点日期 θ 的推断.

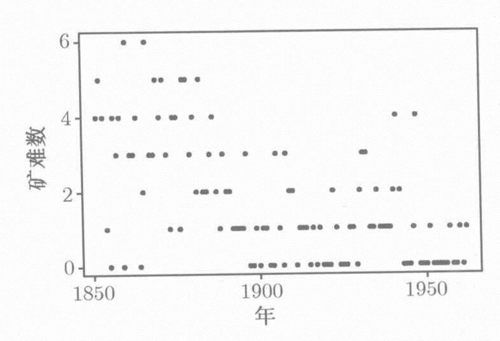


图 6.10　1851 到 1962 年间每年的煤矿灾难次数

(a) 假设 θ 在 $\{1, 2, \cdots, 122\}$ 上有离散均匀先验分布, 且先验 $\lambda_i|a_i \sim \text{Gamma}(3, a_i)$ 及 $a_i \sim \text{Gamma}(10, 10)$ 对 $i = 1, 2$ 是独立的. 利用 SIR 方法, 估计 θ 的后验均值, 并给出 θ 的一张直方图和一个置信区间. 给出估计 λ_1 和 λ_2 的类似信息. 对初始 SIR 抽样, 作 λ_1 对 λ_2 的一张散点图, 高亮显示在 SIR 的第二阶段中再次抽到的点. 此外, 汇报所得初始和再抽样的样本量、唯一点的数量和再抽样中的最高观测频率, 以及该案例中重要性抽样有效样本量的一种度量. 讨论所得结果.

(b) 假设 $\lambda_2 = \alpha\lambda_1$. 使用 θ 的同样的离散均匀先验分布, 且 $\lambda_1|a \sim \text{Gamma}(3, a)$, $a \sim \text{Gamma}(10, 10)$, 以及 $\log\alpha \sim \text{Unif}(\log 1/8, \log 2)$. 给出 (a) 中列出的同样结果, 并讨论所得结果.

(c) 马氏链 Monte Carlo 方法 (见第 7 章) 经常应用于这类数据的分析中. 与在一些这样的分析中使用的非正常扩散先验类似的一个先验集合是: θ 有离散均匀先验, $\lambda_i|a_i \sim \text{Gamma}(3, a_i)$ 及 $a_i \sim \text{Unif}(0, 100)$ 对 $i = 1, 2$ 是独立的. 给出 (a) 中列出的同样结果, 并讨论所得结果, 包括该分析比前两种更困难的原因.

6.5 证明以下结果.

(a) 如果 h_1 和 h_2 是 m 个随机变量 $U_1, \cdots, U_m$ 的函数, 且若每个函数对每个自变量是单调的, 那么

$$\text{cov}\{h_1(U_1, \cdots, U_m), h_2(1 - U_1, \cdots, 1 - U_m)\} \leqslant 0.$$

(b) 令 $\hat{\mu}_1(\boldsymbol{X})$ 估计一个感兴趣的量 μ, 并令 $\hat{\mu}_2(\boldsymbol{Y})$ 是从与 $\boldsymbol{X}_1, \cdots, \boldsymbol{X}_n$ 对偶的 $\boldsymbol{Y}_1, \cdots, \boldsymbol{Y}_n$ 构造而得. 假设两个估计量对 μ 是无偏的且是负相关的. 为 $\hat{\mu}_1(\boldsymbol{X})$ 找一个均值为零的控制变量, 记为 Z, 对于它, 当使用最优 λ 时, 控制变量估计 $\hat{\mu}_{\text{CV}} = \hat{\mu}_1(\boldsymbol{X}) + \lambda Z$ 对应着基于 $\hat{\mu}_1$ 和 $\hat{\mu}_2$ 的对偶估计. 并讨论如何得到最优 λ.

6.6 考虑利用来自 Possion(λ) 模型的 25 个观测点检验假设 $H_0: \lambda = 2$ 对 $H_a: \lambda > 2$. 机械地应用中心极限定理会得出当 $Z \geqslant 1.645$ 时拒绝 H_0, 其中 $Z = \frac{\bar{X}-2}{\sqrt{2/25}}$.

(a) 使用 5 种 Monte Carlo 方法: 标准、对偶、带未标准化和标准化权重的重要性抽样, 以及像在例 6.8 中那样的带控制变量的重要性抽样, 估计该检验的大小 (即 I 型错误率). 对每种估计给出一个置信区间. 讨论每种方差缩减技术的相应优点, 并将重要性抽样方法与其他每种进行比较. 对于重要性抽样方法, 使用均值等于 H_0 的拒绝阈值的 Poisson 包络, 即 $\lambda = 2.465\ 3$.

(b) 对 $\lambda \in [2.2, 4]$, 用同样的 5 种技术画出该检验的功效曲线. 给出每种情况下的逐点置信区间. 讨论每种技术的相应优点. 将重要性抽样方法的表现与它们在 (a) 中的表现进行比较.

6.7 考虑某基本股票的欧式期权定价, 其中当前价格 $S^{(0)} = 50$, 执行价格 $K = 52$ 及波动率 $\sigma = 0.5$. 假设还有 30 天到到期日, 且无风险回报利率是 $r = 0.05$.

(a) 当盈余基于 $S^{(30)}$ 时 (即具有像在 (6.65) 中那样盈余的一支标准期权), 确定该期权的合理价格是 2.10.

(b) 考虑具有在持有期基于算术平均股票价格的盈余 (像在 (6.68) 中那样) 的类似的亚氏期权 (同样的 $S^{(0)}$, K, σ, N 和 r). 使用简单 Monte Carlo 估计该期权的合理价格.

(c) 使用例 6.9 中描述的控制变量方法改进 (b) 中的估计.

(d) 使用对偶方法来估计 (b) 中描述的期权的合理价格.

(e) 利用模拟和/或分析, 比较 (b), (c) 和 (d) 中估计的抽样分布.

6.8 考虑由 $X \sim \text{lognormal}(0, 1)$ 和 $Y = 9 + 3\log X + \epsilon$ 给出的模型, 其中 $\epsilon \sim N(0, 1)$. 我们希望估计 $\mathrm{E}\{Y/X\}$. 比较标准 Monte Carlo 估计和 Rao-Blackwellized 估计的表现.

第 7 章　MCMC 方法

当某目标密度函数 f 可被计算但不易抽样时, 我们可应用第 6 章中的方法来获取一个近似的样本. 用这样的样本的主要目的是估计 $\boldsymbol{X} \sim f(\boldsymbol{x})$ 的某一函数的期望. 本章将介绍的马氏链蒙特卡罗 (MCMC) 方法是用来生成近似服从 f 分布的样本, 但更准确地说, 这种方法可用于产成样本以可靠地估计关于 $\boldsymbol{X}$ 的函数的期望. MCMC 方法区别于第 6 章的模拟技术在于其迭代的特性以及其容易适应各种广泛且困难的问题. 作为一种综合的方法, MCMC 相对于第 5 章中方法的优势在于: 问题维度的增加通常不会降低其收敛速度或使得实现更复杂.

关于离散状态空间马氏链理论的简要回顾可见 1.7 节. 令序列 $\boldsymbol{X}^{(t)}, t=0,1,2,\cdots$ 表示一马氏链, 其中 $\boldsymbol{X}^{(t)} = \left(X_1^{(t)}, \cdots, X_p^{(t)}\right)$, 且状态空间是连续或离散的. 对于本章所介绍的马氏链类型, 当链是非周期不可约时, 则 $\boldsymbol{X}^{(t)}$ 的分布收敛到该链的极限平稳分布. MCMC 方法的抽样策略就是要构造一个非周期不可约的马氏链使得其平稳分布等于我们的目标分布 f. 对于足够大的 t, 由这样的马氏链得到的 $\boldsymbol{X}^{(t)}$ 具有近似 f 的边际分布. MCMC 方法的一个非常流行的应用是帮助简便 Bayes 推断, 这时 f 就是参数 $\boldsymbol{X}$ 的 Bayes 后验分布. 关于 Bayes 推断的简略回顾可参见 1.5 节.

MCMC 方法的精髓在于构造一适当的链. 这方面已有大量的算法. 其中困难之处是如何决定由马氏链得到的样本以及由这些样本得到的估计量与目标分布的近似程度. 这个问题的出现是由于当 t 很小的时候 (注意在进行计算机模拟的时候 t 总是有限的), $\boldsymbol{X}^{(t)}$ 可能与 f 相差很大因为 $\boldsymbol{X}^{(t)}$ 是序列相关的.

MCMC 理论及其应用是当今很活跃的研究方向. 这里我们的重点在于介绍一些基本的 MCMC 算法, 这些算法容易实现且有广泛的应用. 第 8 章会阐述几个更复杂的 MCMC 技术. 关于 MCMC 方法的全面介绍及指南可参见 [64, 82, 91, 93, 460, 537].

7.1　Metropolis-Hastings 算法

Metropolis-Hastings 算法 [282, 391] 是一种非常通用的构造马氏链的方法. 这个方法从 $t=0$ 开始, 取 $\boldsymbol{X}^{(0)} = \boldsymbol{x}^{(0)}$, 其中 $\boldsymbol{x}^{(0)}$ 是从某个初始分布 g 中随机抽取的样本使得满足 $f(\boldsymbol{x}^{(0)}) > 0$. 给定 $\boldsymbol{X}^{(t)} = \boldsymbol{x}^t$, 下面的算法用于产生 $\boldsymbol{X}^{(t+1)}$.

(1) 由某**提案分布** $g\left(\cdot|\boldsymbol{x}^{(t)}\right)$ 产生一个候选值 $\boldsymbol{X}^*$.

(2) 计算 Metropolis-Hastings 比率$R\left(\boldsymbol{x}^{(t)}, \boldsymbol{X}^{*}\right)$, 其中

$$R(\boldsymbol{u}, \boldsymbol{v})=\frac{f(\boldsymbol{v}) g(\boldsymbol{u} \mid \boldsymbol{v})}{f(\boldsymbol{u}) g(\boldsymbol{v} \mid \boldsymbol{u})}. \tag{7.1}$$

注意 $R\left(\boldsymbol{x}^{(t)}, \boldsymbol{X}^{*}\right)$ 总是有定义的, 因为只有当 $f\left(\boldsymbol{x}^{(t)}\right)>0$ 且 $g\left(\boldsymbol{x}^{*} \mid \boldsymbol{x}^{(t)}\right)>0$ 时才有 $\boldsymbol{X}^{*}=\boldsymbol{x}^{*}$.

(3) 根据下式抽取 $\boldsymbol{X}^{(t+1)}$:

$$\boldsymbol{X}^{(t+1)}=\begin{cases}\boldsymbol{X}^{*}, & \text{以概率 } \min\{R\left(\boldsymbol{x}^{(t)}, \boldsymbol{X}^{*}\right), 1\}, \\ \boldsymbol{x}^{(t)}, & \text{否则}.\end{cases} \tag{7.2}$$

(4) 增加 t, 返回第 1 步.

我们将第 t 步迭代称作产生 $\boldsymbol{X}^{(t)}=\boldsymbol{x}^{(t)}$ 的过程.

我们也可考虑在实现类似 Metropolis-Hastings 算法这样的 MCMC 方法时选取多个初始点来检验所得到的输出是否一致. 这样的过程也可看作是与最优化算法的结合. 当提案分布对称, 即 $g\left(\boldsymbol{x}^{(t)} \mid \boldsymbol{x}^{*}\right)=g\left(\boldsymbol{x}^{*} \mid \boldsymbol{x}^{(t)}\right)$ 时, 上述方法就是 Metropolis 算法 [391].

显然, 通过 Metropolis-Hastings 算法构造得到的链满足马氏性, 因为 $\boldsymbol{X}^{(t+1)}$ 仅依赖于 $\boldsymbol{X}^{(t)}$. 而这样的链是否是非周期不可约的则取决于提案分布的选取; 使用者需要自己去检验是否满足这些条件. 如果经过验证说明其是非周期不可约的, 那么由 Metropolis-Hastings 算法得到的链具有唯一的极限平稳分布. 这个结果看似是由 (1.44) 式所决定的. 但是, 这里我们连续和离散两种情况都要考虑. 然而非周期不可约仍然是 Metropolis-Hastings 算法收敛的充分条件. 这方面的理论可参见 [393, 460].

为了求得一个非周期不可约 Metropolis-Hastings 链的平稳分布, 假设 $\boldsymbol{X}^{(t)} \sim f(\boldsymbol{x})$, 并考虑该链的状态空间中的两个点 $\boldsymbol{x}_1$ 和 $\boldsymbol{x}_2$, 满足 $f(\boldsymbol{x}_1)>0$ 和 $f(\boldsymbol{x}_2)>0$. 不失一般性, 假设这两个点满足 $f(\boldsymbol{x}_2) g(\boldsymbol{x}_1 \mid \boldsymbol{x}_2) \geqslant f(\boldsymbol{x}_1) g(\boldsymbol{x}_2 \mid \boldsymbol{x}_1)$.

注意到若 $\boldsymbol{X}^{(t)}=\boldsymbol{x}_1$ 和 $\boldsymbol{X}^{*}=\boldsymbol{x}_2$ 则有 $R(\boldsymbol{x}_1, \boldsymbol{x}_2) \geqslant 1$, 所以 $\boldsymbol{X}^{(t+1)}=\boldsymbol{x}_2$. 由此知 $\boldsymbol{X}^{(t)}=\boldsymbol{x}_1$ 和 $\boldsymbol{X}^{(t+1)}=\boldsymbol{x}_2$ 的无条件联合密度为 $f(\boldsymbol{x}_1) g(\boldsymbol{x}_2 \mid \boldsymbol{x}_1)$. 因为我们需要由 $\boldsymbol{X}^{(t)}=\boldsymbol{x}_2$ 初始提出 $\boldsymbol{X}^{*}=\boldsymbol{x}_1$, 然后以概率 $R(\boldsymbol{x}_1, \boldsymbol{x}_2)$ 令 $\boldsymbol{X}^{(t+1)}$ 等于 $\boldsymbol{X}^{*}$, 所以 $\boldsymbol{X}^{(t)}=\boldsymbol{x}_2$ 和 $\boldsymbol{X}^{(t+1)}=\boldsymbol{x}_1$ 的无条件联合密度为

$$f(\boldsymbol{x}_2) g(\boldsymbol{x}_1 \mid \boldsymbol{x}_2) \frac{f(\boldsymbol{x}_1) g(\boldsymbol{x}_2 \mid \boldsymbol{x}_1)}{f(\boldsymbol{x}_2) g(\boldsymbol{x}_1 \mid \boldsymbol{x}_2)}. \tag{7.3}$$

注意到 (7.3) 等于 $f(\boldsymbol{x}_1) g(\boldsymbol{x}_2 \mid \boldsymbol{x}_1)$, 也就是 $\boldsymbol{X}^{(t)}=\boldsymbol{x}_1$ 和 $\boldsymbol{X}^{(t+1)}=\boldsymbol{x}_2$ 的联合密度. 因此, $\boldsymbol{X}^{(t)}$ 和 $\boldsymbol{X}^{(t+1)}$ 的联合分布是对称的. 由此知 $\boldsymbol{X}^{(t)}$ 和 $\boldsymbol{X}^{(t+1)}$ 具有相同的边际分布. 于是 $\boldsymbol{X}^{(t+1)}$ 的边际分布为 f, 且 f 必定是链的平稳分布.

回想 (1.46) 式, 我们可通过计算由 Metropolis-Hastings 链的平稳分布所得值的平均值来近似一个随机变量的函数的期望. 随着 t 的增大, Metropolis-Hastings 链产生的随机变量的分布近似等于该链的平稳分布; 所以 $\mathrm{E}\{h(\boldsymbol{X})\} \approx \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} h\left(\boldsymbol{x}^{(i)}\right)$. 通过这种方法我们可以估计一些非常有用的量, 其中包括期望 $\mathrm{E}\{h(\boldsymbol{X})\}$, 方差 $\mathrm{E}\{[h(\boldsymbol{X}) - \mathrm{E}\{h(\boldsymbol{X})\}]^2\}$, 以及尾部概率 $\mathrm{E}\{1_{\{h(\boldsymbol{X})\leqslant q\}}\}$, 其中 q 为一常数, 当 A 为真时 $1_{\{A\}} = 1$ 否则为零. 利用第 10 章的密度估计方法, f 本身的估计也可得到. 由马氏链的极限性质, 所有这些基于样本均值的估计量都是强相合的. 注意到序列 $\boldsymbol{x}^{(0)}, \boldsymbol{x}^{(1)}, \cdots$, 可能有一些点在状态空间中取值相同. 当 $\boldsymbol{X}^{(t+1)}$ 取前一个值 $\boldsymbol{x}^{(t)}$ 而不是取提案值 $\boldsymbol{x}^*$ 的时候就会发生这样的情况. 由于这些抽样点出现的频率可用于修正目标密度和提案密度之间的差异, 所以在链中保留这些重复值并在计算样本均值时包含它们是非常重要的. 在大多数应用中, 我们都不太可能确定地知道生成的链是否已经收敛到平稳分布, 因此一种合理的做法是在计算样本均值的时候忽略掉一些初始的生成值.

一个具有某些特定性质的提案分布可以从很大程度上增强 Metropolis-Hastings 算法的效果. 一个好的提案分布可以在适当的迭代次数内生成能够覆盖平稳分布支撑的候选值, 类似地, 也可生成不被过度频繁地接受或拒绝的候选值 [93]. 这两点都与提案分布的延展度有关. 如果一个提案分布相对于目标分布来说过于分散, 那么候选值就会被频繁地拒绝, 因此导致链需要很多次的迭代才能足够地探究清楚目标分布的支撑空间. 如果提案分布过于集中 (比如有非常小的方差), 则链在很多次的迭代中都会停留在目标分布的小区域内, 而其他区域则不能够被充分地探究. 所以, 具有过小或者过大延展度的提案分布都会使得生成的链需要大量的迭代次数才能够获得足够的抽样点覆盖目标分布的支撑. 我们将在 7.3.1 节中进一步探讨与之相关的问题.

下面我们介绍一些利用不同类型的提案分布所得到的 Metropolis-Hastings 变形.

7.1.1 独立链

假设选取 Metropolis-Hastings 算法的提案分布为某个固定的密度函数 g 使得满足 $g(\boldsymbol{x}^*|\boldsymbol{x}^{(t)}) = g(\boldsymbol{x}^*)$. 由提案分布产生一个独立链, 其中抽取的每一个候选值与前面的候选值相互独立. 在这种情况下, Metropolis-Hastings 比率为

$$R(\boldsymbol{x}^{(t)}, \boldsymbol{X}^*) = \frac{f(\boldsymbol{X}^*)g(\boldsymbol{x}^{(t)})}{f(\boldsymbol{x}^{(t)})g(\boldsymbol{X}^*)}. \tag{7.4}$$

如果 $g(\boldsymbol{x}) > 0$, 则只要 $f(\boldsymbol{x}) > 0$, 得到的马氏链就是非周期不可约的.

注意 (7.4) 中 Metropolis-Hastings 比率还可以表示成重要比率 (见 6.3.1 节), 其中 f 为目标分布, g 为包络分布: 如果 $w^* = f(\boldsymbol{X}^*)/g(\boldsymbol{X}^*)$ 且 $w^{(t)} = f(\boldsymbol{x}^{(t)})/g(\boldsymbol{x}^{(t)})$,

则 $R(\boldsymbol{x}^{(t)}, \boldsymbol{X}^*) = w^*/w^{(t)}$. 这种表达方式表明当 $w^{(t)}$ 远远大于 w^* 的值时, 马氏链将在很长一段时期停留在当前值上. 因此在 6.2.4 节讨论的选择重要抽样包络的准则同样可适用于选择提案分布. 提案分布 g 应与目标分布 f 近似, 并在尾部包含 f.

例 7.1 (Bayes 推断) 类似 Metropolis-Hastings 算法的 MCMC 方法是 Bayes 推断的常用工具, 其中似然方程 $L(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{y})$ 中 $\boldsymbol{y}$ 是观测数据, 参数 $\boldsymbol{\theta}$ 的先验分布为 $p(\boldsymbol{\theta})$. Bayes 推断基于后验分布 $p(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{y}) = cp(\boldsymbol{\theta})L(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{y})$, 其中 c 是未知常数. 我们很难通过计算得到常数 c 以及后验分布的其他性质, 因此后验分布不能直接用于推断. 然而, 如果我们可以从马氏链中获得一个样本, 其中马氏链的平稳分布是目标后验分布, 则样本可以用来估计后验矩, 尾部概率以及其他很多有用的分位数, 同时还包括后验密度本身. 在 Bayes 推断中使用 MCMC 方法通常可以很容易地生成这样一个样本.

在独立链中, 一种非常简单的做法就是用先验分布作为提案分布. 以 Metropolis-Hastings 的符号记, $f(\boldsymbol{\theta}) = p(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{y})$, $g(\boldsymbol{\theta}^*) = p(\boldsymbol{\theta}^*)$. 易得,

$$R(\boldsymbol{\theta}^{(t)}, \boldsymbol{\theta}^*) = \frac{L(\boldsymbol{\theta}^*|\boldsymbol{y})}{L(\boldsymbol{\theta}^{(t)}|\boldsymbol{y})}. \tag{7.5}$$

换言之, 我们用先验分布作为提案分布, Metropolis-Hastings 比率等于似然比. 由定义, 先验分布的支撑覆盖目标后验分布的支撑, 因此独立链的平稳分布即为我们希望得到的后验分布. 虽然还有很多特殊的 MCMC 算法以更有效的方式生成各种类型的后验分布样本, 但前面提到的可能是最简单的一种生成方法. □

例 7.2 (估计一个混合参数) 假设观测数据 $y_1, y_2, \cdots, y_{100}$ 独立同分布于混合分布

$$\delta N(7, 0.5^2) + (1-\delta)N(10, 0.5^2). \tag{7.6}$$

图 7.1 为观测数据的直方图, 其中观测数据可从本书的网站上获得. 混合密度在实际应用中普遍存在, 此时数据可以来自多个总体. 假设 δ 的先验分布为 Unif$(0,1)$, 我们可以利用 MCMC 技术构造一个平稳分布等于 δ 的后验密度的链. 数据由 $\delta = 0.7$ 的分布生成, 因此后验密度应集中在这一区域.

在本例中, 我们尝试使用两个不同的独立链. 首先用密度 Beta$(1,1)$ 作为提案密度, 之后我们选用密度 Beta$(2,10)$. 第一种提案分布等价于 Unif$(0,1)$ 分布, 而第二种提案分布右偏, 其均值近似等于 0.167. 在第二种情况中, 0.7 附近的 δ 值不可能由提案分布产生.

图 7.2 是两条链的 10 000 次迭代的样本路径. 样本路径是迭代次数 t 对应链的实现 $\delta^{(t)}$ 的图. 这种图可用于研究马氏链的性质并将在 7.3.1 节作进一步的讨论. 图 7.2 中上面的长方形对应的是由提案密度 Beta$(1,1)$ 生成的马氏链. 上方的图形表明马氏链很快离开了起始值, 并且似乎很容易从以 δ 的后验值为支撑的参数空

间的各个部分抽取值. 这种表现称为混合性良好. 下面的长方形对应的是由提案密度 Beta(2, 10) 生成的马氏链. 这一生成链慢慢地离开起始值, 在寻找后验支撑区域方面表现很差, (即, 混合性差). 由于飘移明显, 此链显然不收敛于其平稳分布. 当然由于后验分布仍是此链的极限分布, 长期运行此链原则上是可以估计 δ 后验分布的. 然而图 7.2 中下方的链的表现难以让人信服: 此链是非平稳的, 只能得到少数几个 $\delta^{(t)}$ 值, 并且起始值看上去没有被淘汰掉. 对类似于这种链的图形, MCMC 的使用者应该需要重新考虑提案密度以及实现 MCMC 方法的其他方面.

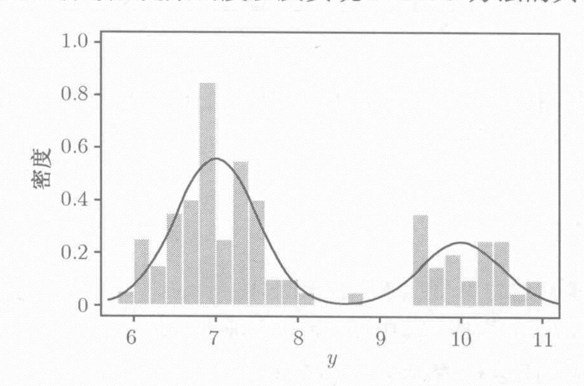


图 7.1 例 7.2 中由混合分布 (7.6) 模拟生成的 100 个观测值的直方图

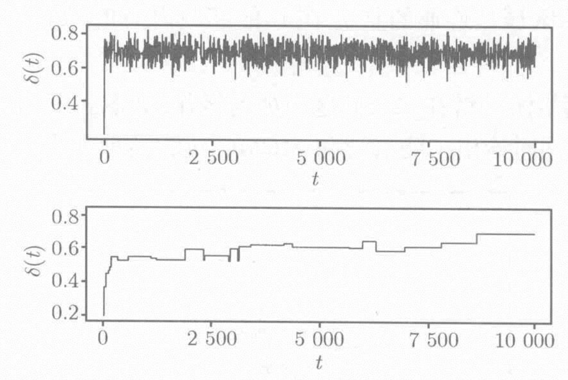


图 7.2 例 7.2 中提案密度为 Beta(1, 1) (上) 和 Beta(2, 10) (下) 的独立马氏链产生的 δ 的样本路径

图 7.3 是马氏链生成值的直方图, 为减少起始值的影响省略了其前 200 次迭代值 (见 7.3.1 节第 5 部分关于预烧期的讨论). 图 7.3 中上下两个长方形图分别对应提案分布 Beta(1, 1) 和 Beta(2, 10). 由图可以看出, 提案密度为 Beta(1, 1) 的马氏链生成的 δ 的样本, 其均值与真值 $\delta = 0.7$ (及后验均值) 非常近似. 另一方面, 提案密度为 Beta(2, 10) 的马氏链在前 10 000 次迭代中不能对 δ 后验或真值产生可靠的估计. □

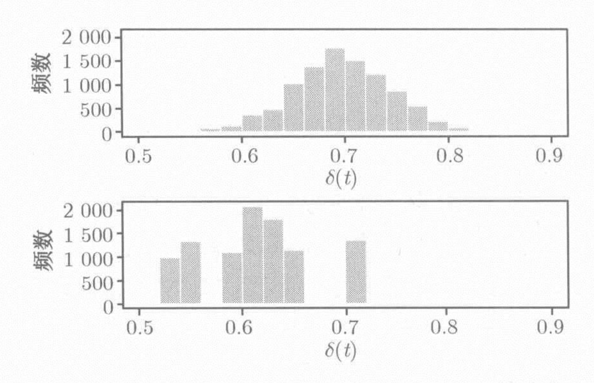


图 7.3 例 7.2 中提案密度为 Beta(1,1) (上) 和 Beta(2,10) (下) 的独立马氏链由 201~10 000 次迭代所得到的的直方图

7.1.2 随机游动链

随机游动链是通过简单变化 Metropolis-Hastings 算法得到的另一种马氏链. 令 $\boldsymbol{X}^*$ 通过抽取 $\boldsymbol{\epsilon} \sim h(\boldsymbol{\epsilon})$ 生成, 其中 h 为密度函数, 则 $\boldsymbol{X}^* = \boldsymbol{x}^{(t)} + \boldsymbol{\epsilon}$. 由此我们得到一个随机游动链. 在这种情况中, $g\left(\boldsymbol{x}^*|\boldsymbol{x}^{(t)}\right) = h\left(\boldsymbol{x}^* - \boldsymbol{x}^{(t)}\right)$. 对于 h 的一般选择包括以圆点为球心的球面上的均匀分布, 标准正态分布以及尺度变化后的学生 t 分布. 如果 f 的支撑区域是连通的且 h 在 0 的邻域内为正, 则生成链是非周期不可约的 [460].

图 7.4 表明随机游动链在二维问题中如何运作. 此图表示出了二维目标函数的等高线 (点状线), 同时给出了随机游动 MCMC 过程的前几步. 样本路径用顺序连

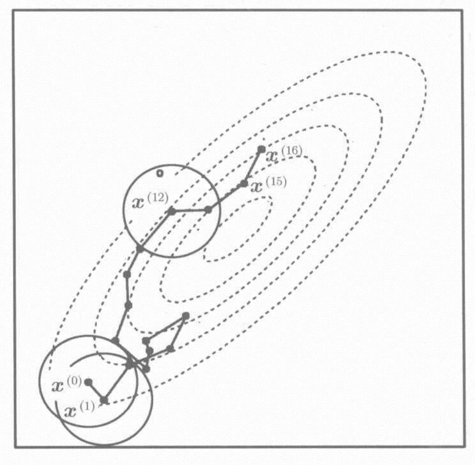


图 7.4 为抽取一个二维目标分布 (点状等高线), 利用所提出的增量抽取自以当前值为中心的圆盘上的均匀分布所得的假想的随机游动链. 见文中的详细描述

接链中的值 (点) 的实线表示. 链的起点为 $\boldsymbol{x}^{(0)}$. 第二个被接受的候选值生成 $\boldsymbol{x}^{(1)}$, 以 $\boldsymbol{x}^{(0)}$ 和 $\boldsymbol{x}^{(1)}$ 为圆心的圆作为提案密度, 其中 h 是以原点为圆心的圆上的均匀分布. 在随机游动链中, 第 $t+1$ 次迭代的提案密度是以 $\boldsymbol{x}^{(t)}$ 为圆心的圆上的均匀分布. 其中有一些候选值被拒绝. 例如, 第 13 个候选值, 记为 $\circ$, 没被接受. 于是 $\boldsymbol{x}^{(13)}=\boldsymbol{x}^{(12)}$. 注意链如何沿目标分布的等高线频繁向上移动, 同时允许少数情况向下移动. 从 $\boldsymbol{x}^{(15)}$ 到 $\boldsymbol{x}^{(16)}$ 的移动就是链向下移动的例子.

例 7.3 (估计混合参数, 例 7.2 续) 作为例 7.2 的继续, 考虑使用随机游动链来获得 δ 的后验分布. 假设我们通过给当前值 $\delta^{(t)}$ 增加一个 $\text{Unif}(-a,a)$ 上的随机增量来生成提案值. 明显地, 在链增长的过程中生成的提案值有可能在区间 $[0,1]$ 外. 一种粗糙的方法就是当 $\delta\notin[0,1]$ 时, 后验值取 0, 这样可以避免取到这些点. 一个常用的更好的方法是重新参数化. 令 $U=\text{logit}\{\delta\}=\log\left\{\frac{\delta}{1-\delta}\right\}$. 现在我们可以关于 U 运行一个随机游动链, 通过给 $u^{(t)}$ 增加一个 $\text{Unif}(-b,b)$ 上的随机增量生成提案值.

有两种方法看待重新参数化. 首先, 我们在 δ- 空间运行链. 在这种情况下, 提案密度 $g(\cdot|u^{(t)})$ 要通过变换成为 δ- 空间中的提案分布, 这里我们考虑 Jacobi 行列式. 于是提案值 δ^* 的 Metropolis-Hastings 比率为

$$\frac{f(\delta^*)g(\text{logit}\left\{\delta^{(t)}\right\}|\text{logit}\{\delta^*\})|J(\delta^{(t)})|}{f(\delta^{(t)})g(\text{logit}\{\delta^*\}|\text{logit}\left\{\delta^{(t)}\right\})|J(\delta^*)|}, \tag{7.7}$$

其中, 如 $|J(\delta^{(t)})|$ 是用于 δ 到 u 变换的 Jacobi (行列式) 的绝对值, 在 $\delta^{(t)}$ 的估值. 第二种方法是在 u- 空间运行链. 在这种情况下, δ 的目标密度要通过变换成为 u 的密度, 其中 $\delta=\text{logit}^{-1}\{U\}=\frac{\exp\{U\}}{1+\exp\{U\}}$. 对于 $U^*=u^*$, 有 Metropolis-Hasting 比率

$$\frac{f(\text{logit}^{-1}\{u^*\})|J(u^*)|g(u^{(t)}|u^*)}{f(\text{logit}^{-1}\{u^{(t)}\})|J(u^{(t)})|g(u^*|u^{(t)})}. \tag{7.8}$$

由于 $|J(u^*)|=1/|J(\delta^*)|$, 我们可以看出两种观点得到的链是等价的.

在重新参数化空间由均匀增量生成随机游动链与在原始空间由均匀增量生成的链相比, 有很多不同的性质. 重新参数化可用于提高 MCMC 方法的表现, 对此在 7.3.1 节第 4 部分中将作进一步的讨论.

图 7.5 是来自 u- 空间的两条随机游动链对于 δ 的样本路径. 图上方的长方形对应通过抽取 $\epsilon\sim\text{Unif}(-1,1)$ 生成的链, 令 $U^*=u^{(t)}+\epsilon$, 并利用 (7.8) 式计算 Metropolis-Hastings 比率. 上方的图显示此马氏链快速离开起始值并且似乎很容易从以 δ 的后验值为支撑的参数空间的各个部分抽取值. 下方的长方形对应使用 $\epsilon\sim\text{Unif}(-0.01,0.01)$ 的链, 其混合性非常地差. 这时得到的链缓慢离开起始值并且经过一次迭代在 δ- 空间中移动的步幅非常小.

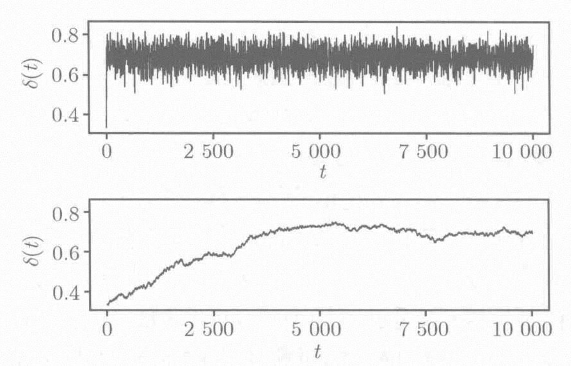


图 7.5　例 7.3 中运行于 u- 空间的两条随机游动链对于 δ 的样本路径, $b = 1$ (上图) 和 $b = 0.01$ (下图)

7.1.3　击跑算法

如前所述, 提案分布不随时间 t 的增加而改变, 在此意义下 Metropolis-Hasting 算法是时间齐次的. 而我们仍有可能构造依赖随时间变化的提案分布 $g^{(t)}\left(\cdot|\boldsymbol{x}^{(t)}\right)$ 的 MCMC 方法. 这些方法可能非常有效, 但是由于时间非齐性, 其收敛性质通常更难确定 [460].

一种类似于随机游动链的方法称为击跑算法 [90]. 在这种方法中, 从 $\boldsymbol{x}^{(t)}$ 出发的提案移动分两步产生: 选择一个方向移动, 然后选择在此方向上移动的距离. 初始化 $\boldsymbol{x}^{(0)}$, 链从 $t=0$ 开始按如下步骤生成.

(1) 抽取一个随机方向 $\boldsymbol{\rho}^{(t)} \sim h(\boldsymbol{\rho})$, 其中 h 为定义在单位 p- 球面的密度.

(2) 寻找所有使得 $\boldsymbol{x}^{(t)} + \lambda\boldsymbol{\rho}^{(t)}$ 为 $\boldsymbol{X}$ 的状态空间的实数 λ 的集合. 记这一标记长度的集合为 $\Lambda^{(t)}$.

(3) 抽取一个随机标记长度 $\lambda^{(t)}|\left(\boldsymbol{x}^{(t)}, \boldsymbol{\rho}^{(t)}\right) \sim g_\lambda^{(t)}\left(\lambda^{(t)}|\boldsymbol{x}^{(t)}, \boldsymbol{\rho}^{(t)}\right)$, 其中密度 $g_\lambda^{(t)}\left(\lambda|\boldsymbol{x}^{(t)}, \boldsymbol{\rho}^{(t)}\right) = g^{(t)}\left(\boldsymbol{x}^{(t)} + \lambda\boldsymbol{\rho}^{(t)}\right)$ 定义在 $\Lambda^{(t)}$ 上. 仅依赖于 $\Lambda^{(t)}$ 的提案分布一次迭代与下一次迭代有可能不同.

(4) 对于提案值 $\boldsymbol{X}^* = \boldsymbol{x}^{(t)} + \lambda^{(t)}\boldsymbol{\rho}^{(t)}$, 计算 Metropolis-Hastings 比率

$$R\left(\boldsymbol{x}^{(t)}, \boldsymbol{X}^*\right) = \frac{f(\boldsymbol{X}^*)g^{(t)}\left(\boldsymbol{x}^{(t)}\right)}{f\left(\boldsymbol{x}^{(t)}\right)g^{(t)}(\boldsymbol{X}^*)}.$$

(5) 设

$$\boldsymbol{X}^{(t+1)} = \begin{cases} \boldsymbol{X}^*, & \text{以概率 } \min\left\{R\left(\boldsymbol{x}^{(t)}, \boldsymbol{X}^*\right), 1\right\}, \\ \boldsymbol{x}^{(t)}, & \text{否则.} \end{cases}$$

(6) 增加 t, 返回第一步.

上述算法是几种常见击跑算法变化而来的 [90].

方向分布 h 常采用单位球面的均匀分布. 在 P 维情况下, 通过抽样一个 p- 维标准正态变量 $\boldsymbol{Y} \sim N(\boldsymbol{0}, \boldsymbol{I})$ 并且作变换 $\boldsymbol{\rho} = \boldsymbol{Y}/\sqrt{\boldsymbol{Y}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{Y}}$, 随机变量可以从均匀分布抽取.

我们将这种方法的表现与其他简单 MCMC 方法作了比较 [89]. 注意到当 $\boldsymbol{X}$ 的状态空间非常受限 [26], 且其他方法难以有效寻找所有空间的区域时, 用击跑算法有其特殊的优势.

h 的选择对于算法的表现以及收敛的速度有很大地影响, 最好的选择常依赖 f 的形状及状态空间的几何性质 (包括对 $\boldsymbol{X}$ 的坐标的限制和选择的单位) [322].

7.1.4 Langevin Metropolis-Hastings 算法

一个带漂移的随机游动可由如下的提案值来生成

$$\boldsymbol{X}^* = \boldsymbol{x}^{(t)} + \boldsymbol{d}^{(t)} + \sigma\epsilon^{(t)}, \tag{7.9}$$

其中

$$d^{(t)} = \left(\frac{\sigma^2}{2}\right) \frac{\partial \log f(\boldsymbol{x})}{\partial \boldsymbol{x}}|_{\boldsymbol{x}=\boldsymbol{x}^{(t)}}, \tag{7.10}$$

并且 $\epsilon^{(t)}$ 是 p- 维标准正态随机变量. 标量 σ 是调节参数, 其值由使用者选择以控制提案步幅的大小. 标准的 Metropolis-Hastings 比率用于决定是否接受提案值, 其中提案密度 $g(\boldsymbol{x}^*|\boldsymbol{x}^{(t)}) \propto \exp\{-\frac{1}{2\sigma^2}(\boldsymbol{x}^* - \boldsymbol{x}^{(t)} - \boldsymbol{d}^{(t)})^{\mathrm{T}}(\boldsymbol{x}^* - \boldsymbol{x}^{(t)} - \boldsymbol{d}^{(t)})\}$.

此方法的提案分布受一个随机微分方程的启发, 此方程有平稳分布 [248, 432] f 并产生一个扩散 (即, 一个连续时间随机过程). 为保证这里给出的离散时间马氏链所得到的离散化过程有正确的平稳分布, Besag 详细地阐述了各种 Metropolis-Hastings 接受策略 [31].

了解目标的变化率并不像看上去那样困难. 在 f 中任何未知的增加的常数项在取导数后就消失了. 当精确的导数难以获得时, 还可以用其数值近似来代替.

与随机游动不同, 此算法引入的漂移倾向于移向目标分布形式的提案值. 一般的 Metropolis-Hastings 算法 (包括随机游动链和独立链) 通常采用不依赖于 f 形状的提案值, 因此更容易实施, 但有时趋于平稳或者充分寻找 f 的支撑区域的速度很慢. 当一般的算法表现很差时, 我们经常采用针对问题特定的 Metropolis-Hastings 算法, 并使用被认为可以研究目标性质而特殊定制的提案分布. Langevin Metropolis-Hastings 算法也给出了依赖于 f 形状的提案分布, 而自目标一般通过使用变化率就可以完成. 这些方法可以更好地研究目标分布并且具有更快速的收敛.

在一些应用中, 由 (7.10) 式给出的更新的提案值产生的马氏链在合理的运行长度之内不收敛, 并且不能研究多峰的 f . Stramer 和 Tweedie [523] 用不同的漂移和尺度项在某种程度上推广了 (7.10) 式, 提高了算法的表现. 对 Langevin Metropolis-Hastings 算法的进一步研究在 [464, 522, 523] 给出.

7.1.5 Multiple-try Metropolis-Hastings 算法

如果一个 Metropolis-Hastings 算法在某个问题中未能成功, 其原因可能是链的收敛速度慢或者长时间停留在 f 的局部峰之中. 为克服上述困难, 可以用扩展可能提案值的区域为代价, 其中提案值由 $g(\cdot|\boldsymbol{x}^{(t)})$ 给出. 然而这种方法常常使得 Metropolis-Hastings 比率非常小, 造成混合性差. 为有效扩展提案区域, 提高算法表现, 同时不妨碍混合性 [359], Liu, Liang 和 Wong 提出另外一种方法, 称为 Muttiple-try Metropolis-Hastings **抽样**.

这种方法通过生成大量侯选值以加强在 $\boldsymbol{x}^{(t)}$ 附近 f 的研究. 从这些提案值中选择一个能够确保此链保持正确的极限平稳分布. 我们将使用提案分布 g, 以及可选择的非负加权 $\lambda(\boldsymbol{x}^{(t)}, \boldsymbol{x}^*)$, 其中对称函数 λ 在后面有进一步的讨论. 为确保正确的极限平稳分布, 必须要求 $g(\boldsymbol{x}^*|\boldsymbol{x}^{(t)}) > 0$ 当且仅当 $g(\boldsymbol{x}^{(t)}|\boldsymbol{x}^*) > 0$, 并且只要 $g(\boldsymbol{x}^*|\boldsymbol{x}^{(t)}) > 0$ 则 $\lambda(\boldsymbol{x}^{(t)}, \boldsymbol{x}^*) > 0$.

记 $\boldsymbol{x}^{(0)}$ 为起始值, 并且定义

$$w(\boldsymbol{u}, \boldsymbol{v}) = f(\boldsymbol{v})g(\boldsymbol{u}|\boldsymbol{v})\lambda(\boldsymbol{u}, \boldsymbol{v}). \tag{7.11}$$

对于 $t = 0, 1, \cdots$, 算法步骤如下:

(1) 由 $g(\cdot|\boldsymbol{x}^{(t)})$ 抽取独立同分布的 k 个提案值 $\boldsymbol{X}_1^*, \cdots, \boldsymbol{X}_k^*$;

(2) 随机地在提案值集合中以正比于 $w(\boldsymbol{x}^{(t)}, \boldsymbol{X}_j^*), j = 1, \cdots, k$ 的概率选择一个提案值 $\boldsymbol{X}_j^*$;

(3) 给定 $\boldsymbol{X}_j^* = \boldsymbol{x}_j^*$, 由 $g(\cdot|\boldsymbol{x}_j^*)$ 抽取独立同分布的 $k-1$ 个随机变量 $\boldsymbol{X}_1^{**}, \cdots, \boldsymbol{X}_{k-1}^{**}$. 令 $\boldsymbol{X}_k^{**} = \boldsymbol{x}^{(t)}$;

(4) 计算广义 Metropolis-Hastings 比率

$$R_g = \sum_{i=1}^{k} w(\boldsymbol{x}^{(t)}, \boldsymbol{X}_i^*) / \sum_{i=1}^{k} w(\boldsymbol{X}_j^*, \boldsymbol{X}_i^{**}); \tag{7.12}$$

(5) 令

$$\boldsymbol{X}^{(t+1)} = \begin{cases} \boldsymbol{X}_j^*, & \text{以概率 } \min\{R_g, 1\}, \\ \boldsymbol{x}^{(t)}, & \text{否则}; \end{cases} \tag{7.13}$$

(6) 增加 t, 返回第 1 步.

我们可以直接证明此算法产生的马氏链可逆, 其极限平稳分布等于 f. 这种方法的效率依赖于 k, f 的形状, 以及 g 相对 f 的延展度. 实际应用中, 在每次迭代中可从很多的提案值中选择一个能够使得链之间有较小的相关性. 这样做能够得到更好的混合性, 因为在某种意义下较大的步幅可以找到其他的局部峰或者可以加快在某个有利的方向上的移动, 而我们不能通过其他的方式实现这样的步幅.

加权函数 λ 可以用来进一步支持某种类型的提案. 一个最简单的选择是 $\lambda(\boldsymbol{x}^{(t)}, \boldsymbol{x}^*) = 1$. 一种 "方向有偏" 方法, 其中 $\lambda(\boldsymbol{x}^{(t)}, \boldsymbol{x}^*) = \{[g(\boldsymbol{x}^*|\boldsymbol{x}^{(t)}) + g(\boldsymbol{x}^{(t)}|\boldsymbol{x}^*)]/2\}^{-1}$ 在 [178] 中给出. 另外一种有趣的选择是 $\lambda(\boldsymbol{x}^{(t)}, \boldsymbol{x}^*) = [g(\boldsymbol{x}^*|\boldsymbol{x}^{(t)})g(\boldsymbol{x}^{(t)}|\boldsymbol{x}^*)]^{-\alpha}$, 其定义在 $g(\boldsymbol{x}^*|\boldsymbol{x}^{(t)}) > 0$ 的区域. 当我们试图利用 g 以及重要抽样包络从 f 中抽样时, 如果 $\alpha = 1$, 则权 $w(\boldsymbol{x}^{(t)}, \boldsymbol{x}^*)$ 对应分配给 $\boldsymbol{x}^*$ 的重要性加权为 $f(\boldsymbol{x}^*)/g(\boldsymbol{x}^*|\boldsymbol{x}^{(t)})$ (见 6.3.1 节).

7.2 Gibbs 抽样

目前我们处理过的 $\boldsymbol{X}^{(t)}$ 很少涉及其维数. Gibbs 抽样就是一种专门处理多维目标分布的工具. 我们的目标是构造一条马氏链其平稳分布 (或者某个边际分布) 等于目标分布 f. Gibbs 抽样通过由 f 的边际分布序贯抽样来达到上述目标, 其中这些边际分布的显式表达式经常是可以得到的.

7.2.1 基本 Gibbs 抽样

回忆 $\boldsymbol{X} = (X_1, \cdots, X_p)^{\mathrm{T}}$, 并且记 $\boldsymbol{X}_{-i} = (X_1, \cdots, X_{i-1}, X_{i+1}, \cdots, X_p)^{\mathrm{T}}$. 假设 $X_i|\boldsymbol{X}_{-i} = \boldsymbol{x}_{-i}$ 的一元条件密度, 记为 $f(x_i|\boldsymbol{x}_{-i})$, 很容易抽样获得, 其中 $i = 1, \cdots, p$. 则从 $\boldsymbol{x}^{(0)}$ 开始, 对于 t 次迭代, 一个一般的 Gibss 抽样过程描述如下:

(1) 选择一个 $\boldsymbol{x}^{(t)}$ 的元素的排序;

(2) 对每个 i 依照上述选择的排序, 抽取 $\boldsymbol{X}_i^*|\boldsymbol{x}_{-i}^{(t)} \sim f(x_i|\boldsymbol{X}_{-i}^{(t)})$;

(3) 当第 (2) 步依选择的排序对 $\boldsymbol{X}$ 的每一元素都已经完成时, 令 $\boldsymbol{X}^{(t+1)} = \boldsymbol{X}^*$.

对 X 的所有元素完成第 (2) 步称为一个*循环*. 几种改进和推广的方法将在 7.2.2—7.2.6 节中讨论. 很重要的一点是, 标准的实际应用中对 $\boldsymbol{X}$ 的每一个元素都采用最新值而不是在循环中以 $\boldsymbol{X}^{(t)} = \boldsymbol{x}^{(t)}$ 为条件. 例如, 当 $p = 2$ 时, 一次循环将生成 $X_1^{(t+1)}|x_2^{(t)} \sim f(x_1|x_2^{(t)})$ 然后生成 $X_2^{(t+1)}|x_1^{(t+1)} \sim f(x_2|x_1^{(t+1)})$.

很明显由 Gibbs 抽样生成的链是马氏链. 在相当温和的条件下, Geman 和 Geman [197] 证明 Gibbs 抽样所得链的平稳分布为 f. 同时还证明 $X_i^{(t)}$ 的极限边际分布等于目标分布沿第 i 个坐标求得的一元边际分布. 同 Metropolis-Hasting 算法一样, 我们能够使用链的实现值去估计 $\boldsymbol{X}$ 函数的期望.

我们可以直接将 Gibbs 抽样看作 Metropolis-Hasting 算法的特殊例子. 每次 Gibbs 循环由 p 个 Metropolis-Hasting 步构成. 为看到这一点, 注意在循环中给定 $\boldsymbol{x}^{(t)} = (x_1^{(t)}, \cdots, x_p^{(t)})$ 条件下, 第 i 个 Gibbs 步有效地给出 $X^* = (x_1^{(t)}, \cdots, x_{i-1}^{(t)}, X_i^*, x_{(i+1)}^{(t)}, \cdots, x_p^{(t)})$. 于是, 第 i 个一元变量 Gibbs 更新数值可以看作 Metropolis-

Hasting 算法中抽取 $\boldsymbol{X}^*|\boldsymbol{x}^{(t)} \sim g_i(\cdot|\boldsymbol{x}^{(t)})$ 的一步, 其中

$$g_i(\boldsymbol{x}^*|\boldsymbol{x}^{(t)}) = \begin{cases} f(x_i^*|\boldsymbol{x}_{-i}^{(t)}), & \text{如果 } \boldsymbol{X}_{-i}^* = \boldsymbol{x}_{-i}^{(t)}, \\ 0, & \text{否则}. \end{cases} \tag{7.14}$$

易证此时 Metropolis-Hastings 比率等于 1, 这意味着 $\boldsymbol{X}^{(t+1)}$ 总是等于 $\boldsymbol{X}^*$ 而从不保留以前的值 $\boldsymbol{x}^{(t)}$.

当 $\boldsymbol{X}$ 的维数变化时不能用 Gibbs 抽样. 这种情况下构造一个适当的有正确平稳分布的马氏链的方法, 可参见 8.2 节.

例 7.4 (河流生态监控)　称为底栖无脊椎动物的河流昆虫在监控河流生态中是一个有效的指标, 这是由于其相对平稳的基底栖息地被污染的程度是一个常数并且由于个体数目很多可以很容易抽样. 假设在河流沿线很多地点可采集昆虫, 并基于生态学上重要性的标准将昆虫分成几类. 令 $Y_1, \cdots, Y_c$ 为某个特定的地点内 c 类不同昆虫中, 每类昆虫的个数.

一只昆虫被分到每一类的概率随地点不同而变化, 收集到昆虫的总数也随地点的不同而变化. 对给定的地点, 令 $P_1, \cdots, P_c$ 为不同类昆虫的概率, 并且令 N 为收集到的昆虫的总数. 进一步假设 $P_1, \cdots, P_c$ 依赖于一个有关地点特性的集合, 此性质可由参数 $\alpha_1, \cdots, \alpha_c$ 分别概括. 设 N 依赖于一个特定地点参数 λ.

假设有两个备选统计量, $T_1(Y_1, \cdots, Y_c)$ 和 $T_2(Y_1, \cdots, Y_c)$ 可用来监控河流中破坏环境的因素. 如果 T_1 或 T_2 的值超过某个阈值, 则报警启动. 为比较两个统计量在同一河流中的不同地点或是不同类型河流中的表现, 我们设计一个 Monte Carol 模拟试验. 试验选择一组参数集合 $(\lambda, \alpha_1, \cdots, \alpha_c)$, 这些参数集合被认为包含了抽样的范围以及可能被监测的地点和河流的特性. 每一个参数集合对应一个在模拟地点的假想抽样.

令 $c = 3$. 对给定的模拟地点, 我们可以建立模型:

$$\begin{aligned} (Y_1, Y_2, Y_3)|(N = n, P_1 = p_1, P_2 = p_2, P_3 = p_3) &\sim \text{Multinomial}(n; p_1, p_2, p_3), \\ (P_1, P_2, P_3) &\sim \text{Dirichlet}(\alpha_1, \alpha_2, \alpha_3), \\ N &\sim \text{Poisson}(\lambda), \end{aligned}$$

其中 N 由于依地点而变化所以看作是随机的. 该模型要求 $Y_1 + Y_2 + Y_3 = N$ 以及 $P_1 + P_2 + P_3 = 1$, 所以过于确定化. 因此, 可以将模型写成 $\boldsymbol{X} = (Y_1, Y_2, P_1, P_2, N)$, 其他的变量可通过分析 $\boldsymbol{X}$ 的值来决定. Cassella 和 George 对昆虫卵的孵化给出了相关模型 [82]. 河流生态数据的更复杂的模型在 [308] 中给出.

为完成模拟试验, 需要从 (Y_1, Y_2, Y_3) 的边际分布抽样, 使得可以比较统计量 T_1 和 T_2 在当前水流类型的模拟地点中的表现. 对给出的模拟地点, 重复这一过程, 得出关于 T_1 和 T_2 的结论.

给定参数 λ, α_1, α_2 和 α_3, 我们不可能得到 (Y_1,Y_2,Y_3) 边际分布的显式表达式. 然而, 我们可以用 Gibbs 抽样模拟此分布. 抽样方法简单概括为

$$\begin{aligned}(Y_1,Y_2,Y_3)\,|\cdot &\sim \text{Multinomial}(n;p_1,p_2,p_3),\\ (P_1,P_2,P_3)\,|\cdot &\sim \text{Dirichlet}(y_1+\alpha_1,y_2+\alpha_2,n-y_1-y_2+\alpha_3),\\ N-y_1-y_2\,|\cdot &\sim \text{Poisson}(\lambda(1-p_1-p_2)),\end{aligned} \tag{7.15}$$

其中 $|\cdot$ 表示分布以变量集合 $\{N,Y_1,Y_2,Y_3,P_1,P_2,P_3\}$ 中除分布本身变量外的其余变量为条件. 问题 7.4 要求得到这些分布.

直观上, (7.15) 式似乎与 Gibbs 抽样中的一元抽样策略不甚相近. 我们不难证明 (7.15) 等价于如下基于 $\boldsymbol{X}$ 元素的一元条件分布的抽样方法:

$$\begin{aligned}Y_1^{(t+1)}\Big|\cdot &\sim \text{Bin}\left(n^{(t)}-y_2^{(t)},\frac{p_1^{(t)}}{1-p_2^{(t)}}\right),\\ Y_2^{(t+1)}\Big|\cdot &\sim \text{Bin}\left(n^{(t)}-y_1^{(t)},\frac{p_2^{(t)}}{1-p_1^{(t)}}\right),\\ \left.\frac{P_1^{(t+1)}}{1-p_2^{(t)}}\right|\cdot &\sim \text{Beta}\left(y_1^{(t)}+\alpha_1,n^{(t)}-y_1^{(t)}-y_2^{(t)}+\alpha_3\right),\\ \left.\frac{P_2^{(t+1)}}{1-p_1^{(t)}}\right|\cdot &\sim \text{Beta}\left(y_2^{(t)}+\alpha_2,n^{(t)}-y_1^{(t)}-y_2^{(t)}+\alpha_3\right),\end{aligned}$$

及

$$N^{(t+1)}-y_1^{(t)}-y_2^{(t)}\Big|\cdot \sim \text{Poisson}\left(\lambda(1-p_1^{(t)}-p_2^{(t)})\right).$$

在下一节中我们将看到实际上我们不需要确定如上所述的专门依赖于一元条件分布的详细方案, 而且也不建议在获得一些元素的新的观测值后继续在整个循环内以 $\boldsymbol{X}^{(t)}$ 的元素为条件.

"Gibbs 抽样" 实际上是大量适应性非常高的算法的统一名称. 在接下来的几个子节中, 我们将描述各种已有的用于改进上述通用算法的方案.

7.2.2 立即更新

当在 t 次迭代的时候 $\boldsymbol{X}$ 的一些元素已经被更新了, 如果在更新其他的元素时不使用这些更新后的值会造成一定程度的浪费. 事实上, Gibbs 抽样可通过在每一步都利用最近得到的其他元素的值来获得更好的效果. 这种方法改进了链的混合, 换句话说, 链能够更快速, 更详尽地探索目标分布的支撑空间. Gibbs 抽样描述如下:

(1) 选择初始值 $\boldsymbol{x}^{(0)}$, 并令 $t=0$;

(2) 逐个生成

$$
\begin{aligned}
&X_1^{(t+1)}|\cdot \sim f\left(x_1|x_2^{(t)},\cdots,x_p^{(t)}\right),\\
&X_2^{(t+1)}|\cdot \sim f\left(x_2|x_1^{(t+1)},x_3^{(t)},\cdots,x_p^{(t)}\right),\\
&\qquad\cdots\\
&X_{p-1}^{(t+1)}|\cdot \sim f\left(x_{p-1}|x_1^{(t+1)},x_2^{(t+1)},\cdots,x_{p-2}^{t+1},x_p^{(t)}\right),\\
&X_p^{(t+1)}|\cdot \sim f\left(x_p|x_1^{(t+1)},x_2^{(t+1)},\cdots,x_{p-1}^{(t+1)}\right),
\end{aligned}
\tag{7.16}
$$

其中 $|\cdot$ 表示以所有其他元素最近的值为条件;

(3) 增加 t, 返回第 (2) 步.

7.2.3 更新排序

(7.16) 中 $\boldsymbol{X}$ 元素的更新顺序对于不同的循环是可以变化的. 有时候对每个循环而言, 使用随机顺序是比较合理的. 这被称作为**随机扫描** Gibbs **抽样** [460]. 事实上, 甚至没有必要对每个循环中的每个元素都进行更新, 而只要每个元素的更新足够地频繁就可以了.

7.2.4 区组化

Gibbs 抽样的另一种改进方法是所谓的**区组化**或**分组化**. 在 Gibbs 算法中, 我们没有必要单独处理每一个 $\boldsymbol{X}$ 的元素. 在例 7.4 中, 河流生态参数自然地被分为条件化的多项分布组, 条件化的 Dirichlet 分布组, 以及某单独的条件化的 Poisson 元素. 举例来说, 在上面 (7.16) 的一般步骤中, 取 $p=4$, 则对每一个循环可采用如下的更新序列:

$$
\begin{aligned}
X_1^{(t+1)}\Big|\cdot &\sim f\left(x_1|x_2^{(t)},x_3^{(t)},x_4^{(t)}\right),\\
X_2^{(t+1)},X_3^{(t+1)}\Big|\cdot &\sim f\left(x_2,x_3|x_1^{(t+1)},x_4^{(t)}\right),\\
X_4^{(t+1)}\Big|\cdot &\sim f\left(x_4|x_1^{(t+1)},x_2^{(t+1)},x_3^{(t+1)}\right).
\end{aligned}
$$

当 $\boldsymbol{X}$ 的元素相关时, 区组化特别有用, 用其构造的算法能够使更相关的元素在同一个区组中被一起抽样出来. Roberts 和 Sahu 比较了各种区组化和更新排序方法的收敛速度 [463]. 基于模型结构, Sargent 等人的结构化 MCMC 方法为区组化提供了一种系统化的方法 [480]. 该方法在大量参数的情形下能够有更好的收敛速度, 比如刚体力学模型的 Bayes 分析 [106].

7.2.5 混合 Gibbs 抽样

因为 Gibbs 抽样的一个循环内的每一步本身都是一个 Metropolis-Hastings 迭代, 所以我们也可在适当的时候使用不同的 Metropolis-Hastings 变形. 例如, 对于 $p=6$, 一种混合 MCMC 算法可如下进行:

(1) 用某 Gibbs 迭代更新 $X_1^{(t+1)}\Big|\left(x_2^{(t)},x_3^{(t)},x_4^{(t)},x_5^{(t)},x_6^{(t)}\right)$;

(2) 用某 Metropolis 迭代更新 $\left(X_2^{(t+1)},X_3^{(t+1)}\right)\Big|\left(x_1^{(t+1)},x_4^{(t)},x_5^{(t)},x_6^{(t)}\right)$;

(3) 用某随机游走链迭代更新 $X_4^{(t+1)}\Big|\left(x_1^{(t+1)},x_2^{(t+1)},x_3^{(t+1)},x_5^{(t)},x_6^{(t)}\right)$;

(4) 用某 Gibbs 迭代更新 $\left(X_5^{(t+1)},X_6^{(t+1)}\right)\Big|\left(x_1^{(t+1)},x_2^{(t+1)},x_3^{(t+1)},x_4^{(t+1)}\right)$.

当 $\boldsymbol{X}$ 的一个或者多个元素的一元边际密度没有显示表达的时候, Gibbs 算法中的 Metropolis-Hastings 迭代特别有用.

7.2.6 另一种一元提案方法

当不是所有的条件分布都可以容易地抽样的时候, 混合方法, 比如嵌入 Gibbs 算法的 Metropolis-Hastings 方法, 能够有效地构造 Gibbs- 型链. 另外, 由第 6 章中的技术拓展得到的方法可用于生成服从那些难以直接抽样的一元条件分布的样本.

其中一种这样的方法是格点 Gibbs 抽样 [458, 529]. 假设对某一特定的 k, 我们很难通过一元条件密度 $X_k|\boldsymbol{x}_{-k}$ 抽样. 格点 Gibbs 方法首先需在 $f(\cdot|\boldsymbol{x}_{-k})$ 的支撑上选择一些格点 $z_1,\cdots,z_n$. 令 $w_j^{(t)}=f(z_j|\boldsymbol{x}_{-k}^{(t)}), j=1,\cdots,n$. 利用这些权以及相应的格点, 我们可以近似密度函数 $f(\cdot|\boldsymbol{x}_{-k})$, 或者等价地, 近似其分布的逆函数. 然后用这个近似来生成 $X_k^{(t+1)}|\boldsymbol{x}_{-k}^{(t)}$ 并进行剩下的 MCMC 算法. 对于第 k 个一元条件分布的近似精度可在迭代的过程中不断地得到提高. 最简单的近似和抽样方法是通过使用逆累加分布函数方法 (见 6.2.2 节), 从离散分布 $w_1^{(t)},\cdots,w_n^{(t)}$ 的概率密度取值 $z_1,\cdots,z_n$ 中抽取 $X_k^{(t+1)}|\boldsymbol{x}_{-k}^{(t)}$. 这样得到的近似的密度函数是逐段常数的, 其在任意两相邻格点的中点之间具有一密度值使得在包含 z_i 的片段上的总的概率与 $w_i^{(t)}$ 成比例, 由此密度函数可生成一个逐段线性的累积分布函数. 基于第 10 章中的密度估计的想法还可获得一些其他的方法.

如果对于 $f(\cdot|\boldsymbol{x}_{-k})$ 的近似随时间的变化通过改进格点的取值而不断地进行更新, 那么所得到的链就不是时间齐性的. 在这种情况下, 文献中的关于 Metropolis-Hastings 或者 Gibbs 链的收敛结果就不能够确保格点 Gibbs 链具有等于 f 的极限平稳分布. 一种确保时间齐性的方法是在迭代的过程中不要对一元分布的近似进行任何的更新. 但是这时该链依赖于 $f(\cdot|\boldsymbol{x}_{-k})$ 的近似而不是真实的密度, 其极限分布仍然是不正确的. 我们可利用一个混合 Metropolis-Gibbs 的框架来解决这个问

题, 也就是将由 $f(\cdot|\boldsymbol{x}_{-k})$ 的近似所得到的变量看作是一提案, 然后基于 Metropolis-Hastings 比率来随机地决定是保留还是舍弃该变量. Tanner 探讨了大量潜在的对于基本的格点 Gibbs 抽样的改进方法 [529].

7.3 实 施

MCMC 方法的目标是估计目标分布函数 f. 这种方法的可靠性依赖于由马氏链的生成值所计算得到的样本均值对应该链的极限平稳分布下的期望的程度. 前面我们所介绍的所有 MCMC 方法都具有正确的极限平稳分布. 但是, 实际使用该方法时, 我们需要决定什么时候马氏链已经运行了足够长的时间以使得我们有理由确信所得到的输出足够代表目标分布, 也即何时用所得的输出可以得到可靠的估计. 不幸的是, 有时 MCMC 方法收敛地非常慢, 也就是需要特别长的运行时间, 尤其是当 $\boldsymbol{X}$ 的维数很大的时候. 另外, 当使用 MCMC 算法的输出来判断是否近似地达到收敛的时候, 我们很容易获得错误的结论.

本节将研究链的长期运行的表现问题. 例如, 链是否已经运行地足够长了; 链的前面部分是否受初始值的强烈影响; 是否该使用多个不同的初始值来运行; 链是否跨越了 f 支撑区域的所有部分; 抽样值是否近似服从 f; 如何用链的输出得到估计并衡量其近似精度, 等等. 关于 MCMC 的诊断方法可参见 [70, 107, 320, 389, 459]. 本节最后我们会给出一些关于 MCMC 算法编程方面的实用建议.

7.3.1 确保良好的混合和收敛

实际应用中很重要的一点是考虑 MCMC 算法对于某个感兴趣的问题提供的信息是否有效. 有效性可以在不同的情形下有不同的解释, 但这里我们主要集中在考虑要多久链才可以不依赖于其初始值以及需要多长时间该链能够完全挖掘目标分布函数支撑的信息. 另外一个相关的问题是在一个序列中观测值之间要相隔多远才可以看作是近似独立的. 我们将这些问题看作该链的混合性质.

我们还需考虑该链是否近似地达到其平稳分布. 实际上, 分析是否收敛到平稳分布和研究该链的混合性质之间有很大程度的近似之处. 许多分析诊断方法可同时用于研究混合和收敛的性质. 此外, 没有一种诊断方法是一定有效的; 当某链不收敛时, 一些方法却得到收敛的诊断结果. 基于上述原因, 我们将在接下来的几个小节中对混合和收敛进行联合讨论, 并给出多种诊断技术.

1. 提案的选择

正如在 7.1 节中所提到的, 提案分布的性质对混合有很强的影响, 尤其是其延展度. 进一步地, 一个良好的提案分布所应具有的特点依赖于我们所要使用的 MCMC 方法的类型.

对于某个 Gibbs 抽样, $\boldsymbol{X}$ 的分量之间越独立, 其效果就越能够得到增强. 一个重要的减少相关性的策略是重新参数化. [212, 287] 给出了多种方法的详细讨论. 参见 7.3.1 节第 4 部分及习题 7.7.

对于一个一般的 Metropolis-Hastings 链, 比如某独立链, 直观上显然我们希望提案分布 g 能够非常好地近似 f, 因此看上去我们想要的是以很高的比率接受提案. 尽管我们需要 g 和 f 很相像, 但 g 的尾部表现比其在高密度区域与 f 的相近程度更重要. 特别地, 如果 f/g 有界, 总的来说马氏链收敛到其平稳分布会更快些 [460]. 因此, 明智的做法是使提案分布从某种程度上来说比 f 更加分散.

实际应用中, 我们可以利用一个非正式的迭代过程来选择提案分布的方差. 开始生成一个链, 观测并记录提案被接受的比率, 然后相应地调整提案分布的延展度. 在达到了某个预先设定的接受率之后, 适当调整提案分布的尺度并重新开始该链. 对于目标分布和提案分布为正态的 Metropolis 算法, 文献中建议使用介于 25% 和 45% 之间的接受率, 其中对于一维或者二维问题来说, 最佳的接受率大约为 45%, 而对于更高维的问题, 较好的选择是在 23% 左右 [194, 461]. 对于 7.1.5 节中的 multiple-try Metropolis-Hastings 算法, 我们建议使用 40% 和 50% 之间的接受率 [359]. 注意这些推荐的比率只有当目标及提案分布大约为正态分布, 或者至少是单峰分布的情况下才可以使用. 比如当目标分布是多峰的, 链很有可能都集中在某一个峰附近, 而不能够充分地挖掘参数空间中的其他部分. 在这种情况下, 接受率可能会相当地高, 而从一峰跳至另一峰的概率却很低. 这是绝大多数 MCMC 方法都会遇到的难点问题; 所以通常来说, 尽管目标分布的具体形式或参数是未知的, 但我们也希望对其有尽可能多的信息以便更好地实现 MCMC 算法.

[460] 提出了一个完全自动的确定 g 的方法, 其推广了自适应拒绝抽样方法 (参见 6.2.3 节第 2 部分). 当我们对 f 的形状信息知之甚少的时候, 该方法非常有用.

2. **链的个数**

实际中一个关键且非常困难的诊断问题是, 判断链是否长期停留在一个或多个目标函数的峰附近. 在这种情况下, 使用绝大多数的诊断方法都很可能得到链收敛的结论, 但事实上此链并没有完全地刻画出目标分布. 一个解决该问题的方法是运行多个具有不同初始值的链, 并比较其链内和链间的表现情况. 7.3.1 节第 5 部分将给出该方法.

令人惊讶的是, 运行多个链来研究链之间的表现情况的这种一般想法实际上相当有争议性. 在 MCMC 方法的早期统计发展中, 其中一个最热烈的争论是到底是将有限的运行时间花在加长一个链的运行长度上更重要, 还是用在同时运行多个具有不同初始点的较短的链来研究表现情况更有意义 [204, 196, 389]. 尝试使用多个链的出发点在于希望目标分布的所有我们感兴趣的特点 (比如多峰) 能够通过至少

一个链挖掘出来, 并且使用单独链的无效性, 也就是单独链不能够找出这些特点或者忽视了初值的影响, 能够被检查出来. 在这种情况下, 我们需要加长链或者重新参数化该问题使其具有更好的混合.

使用长链的一些论点如下. 使用许多短链只有在它们揭示出不好的收敛表现时才会比使用长链更有意义. 在这种情况下, 由这些短链模拟生成的值是不稳定的. 其次, 使用多个短链来诊断收敛的有效性主要限于一些不切实际的简单问题或者那些我们已经很好地了解 f 的问题中. 第三, 给定某总的计算量, 若将其分配到多个链的运行上有可能会得到不好的收敛, 但若将其全部用于一个长链的运行上可能就不会如此.

从实际应用的角度, 我们不认为上述的使用单独链的论点完全令人信服. 由不同的初值来生成多个短链是计算机代码全面调试中基本的要素. 我们对 f 的一些主要的特征 (比如多峰, 高度集中的支撑域), 经常有很好的认知 —— 即使复杂的实际问题 —— 尽管不能够确定对这些特征的具体细节. 由多个不同初始状态所得到的结果通常还可以提供 f 的关键特征的一些信息, 反过来这些信息能够帮助我们决定使用的 MCMC 方法以及问题的参数化是否得当. 多个短链的不好的收敛情况亦能够帮助我们决定当使用某长链的时候, 链的表现的哪些方面是我们最需要监控的. 最后, CPU 的运算速度已今非昔比, 而且花费也越来越少. 我们可以使用多个短链和一个长链. 在使用覆盖 f 支撑的具有不同初值的多个短链之后, 我们能够进行一些解释性的工作. 链的表现的诊断可以通过大量正式和非正式的技术来实现, 其中许多技术将在下面给出介绍. 在确信实施方案能够成功之后, 我们就可以由一个好的初始值来运行一个最终的相当长的链来计算并公布结果.

3. 用于评价混合和收敛的简单图

在编写程序并运行了具有多个初始值的 MCMC 算法之后, 对于特定的问题, 使用者们应该运用各种诊断工具来研究 MCMC 算法的性质. 下面我们将讨论三种简单的诊断方法.

样本路径是一个描述迭代数对应 $\boldsymbol{X}^{(t)}, t=0,1,\cdots,$ 的实现值的图. 样本路径有时也被称为迹或者历史图. 如果链的混合不是很好, 那么在很多次迭代中它都将会取相同或者相近的值, 如 7.2 下图中所示. 一个混合很好的链能够快速地远离初始值 —— 无论它以何值开始 —— 且样本路径将会在 f 的支撑域附近强烈地摆动.

cusum(累积和) 诊断用于衡量一维参数 $\theta = \mathrm{E}\{h(\boldsymbol{X})\}$ 的估计的收敛性 [578]. 在舍去最初的一些迭代值之后, 基于链的 n 个实现的估计为 $\hat{\theta} = \frac{1}{n}\sum_{j=1}^{n} h\left(\boldsymbol{X}^{(j)}\right)$. cusum 诊断是一个描述 $\sum_{i=1}^{t}\left[h\left(\boldsymbol{X}^{(i)}\right) - \widehat{\theta}_n\right]$ 对应 t 的图. 如果最终的估计量是用除去一些预烧值 (将在后面讨论) 之后的剩余链的迭代计算而得到的, 那么估计和

cusum 图就应该基于那些在最终估计量中使用的值. Yu 和 Mykland [578] 指出如果 cusum 图非常地抖动并且离 0 比较近, 则说明该链具有良好的混合. 那些离 0 较远且很光滑的图说明链由较低的混合速度. 与其他收敛诊断一样, cusum 图也具有如下缺点: 对于多峰分布链长期停滞在某一峰的情况, cusum 图可能会得到好的效果的诊断结果, 而实际上, 链表现并不好.

自相关性图用于描述 $\boldsymbol{X}^{(t)}$ 序列在不同迭代延迟下的相关性. 延迟 i 的自相关性是指相距 i 步的两迭代之间的相关性 [187]. 具有较差的混合性质的链随着迭代间延迟的增加会表现出较慢的自相关性衰减. 对于多于一个参数的问题, 我们也许还应该考虑有联系的参数之间的交互相关性, 因为较高的交互相关也可能表明该链具有较差的混合.

例 7.5 (估计混合参数, 续) 图 7.6 给出的是 例 7.2 中所描述的独立链的自相关性图. 在上图中, 由于使用一个更适当的提案分布, 所得到的链的自相关性衰减的相当快. 而下图中使用一较差的提案分布导致其自相关性非常地高, 相隔 40 步的观测之间的相关性仍可达到 0.92. 此图很明显地指出较差的混合性质.

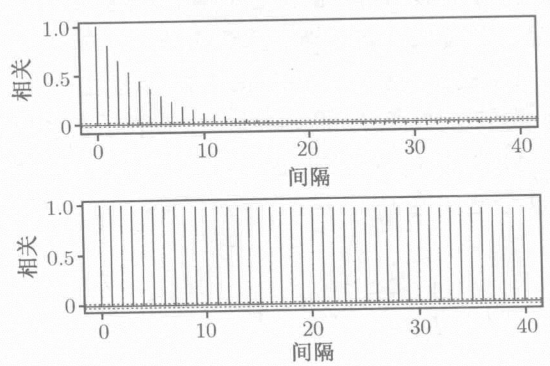


图 7.6　例 7.2 中所描述的提案密度为 Beta(1, 1) (上图) 和 Beta(2, 10) (下图) 的独立链对应的自相关图

4. 重新参数化

我们可以通过对模型的重新参数化来改进 Gibbs 抽样和 Metropolis-Hastings 算法的混合性质. $\boldsymbol{X}$ 元素间的高度相关性会导致 Gibbs 抽样较差的收敛, 而通过对模型的重新参数化则能够降低相关因此可加快其收敛速度. 举例来说, 若 f 是具有很强正相关的二元正态分布, 则对于两个一元条件分布而言, 在任一个轴上我们通常只能取相距 $\boldsymbol{X}^{(t)} = \boldsymbol{x}^{(t)}$ 较小的步幅. 因此, Gibbs 抽样收敛至 f 的速度会非常慢. 但如果我们假设 $\boldsymbol{Y} = (\boldsymbol{X}_1 + \boldsymbol{X}_2, \boldsymbol{X}_1 - \boldsymbol{X}_2)$. 这样的变换会使得一个一元条件分布落在 $\boldsymbol{X}$ 的最大变差所对应的轴上, 而另一个落在与该轴正交的另一轴上. 如果我们将 f 的支撑视作一雪茄型, 则对于 $\boldsymbol{Y}$ 的一元条件分布允许我们取到雪茄的

长度和宽度的步幅. 因此, 参数化至 $\boldsymbol{Y}$ 使我们能够更容易地由目标分布的支撑上的一点通过一步 (或很少的几步) 移动至另一点.

对于线性模型问题, 如果协变量是连续的, 那么我们可以通过对这些协变量的中心标准化以达到降低模型中参数相关性的目的. 另一种方法是所谓的等级中心化. 这种方法对于具有随机效应的模型特别有用. 见问题 7.7.

不幸的是, 重新参数化的方法通常对于特定的模型需要特定的处理, 因此我们很难给出通用的步骤. 另一种改进 MCMC 算法的混合, 加速其收敛速度的办法是通过使用所谓的辅助变量来放大问题; 参见第 8 章. 大量的重新参数化和加速的技术可参见 [91, 460] 及其中的参考文献.

5. 预烧和运行长度

在关于收敛的诊断中核心问题是考虑预烧期和运行长度. 回想 MCMC 算法只有在极限情况下才会有 $X^{(t)} \sim f$. 对于任何的操作, 其中的迭代都不会很精确地服从我们想要的边际分布, 而链对初始点的依赖性也很强. 为了降低这个问题的严重性, 我们通常会舍弃链的前 D 个值, 也就是所谓的*预烧期*.

关于预烧期和运行长度的确定是当前活跃的研究方向. 一个常用的方法由 Gelman 和 Rubin [194, 196] 提出. 这个方法中, MCMC 算法由 J ($J \geqslant 2$) 个等长的链组成, 这些链的初始值散布在目标密度的支撑上. 令 L 表示在舍去 D 个迭代之后每个链的长度. 假设感兴趣的变量是 X, 其在第 j 个链上的第 t 个迭代值为 $x_j^{(t)}$. 因此, 对于第 j 个链, 舍去 D 个迭代值 $x_j^{(0)}, \cdots, x_j^{(D-1)}$, 而剩下 L 个值 $x_j^{(D)}, \cdots, x_j^{(D+L-1)}$

令

$$\bar{x}_j = \frac{1}{L}\sum_{t=D}^{D+L-1} x_j^{(t)} \quad 且 \quad \bar{x}_{\cdot} = \frac{1}{J}\sum_{j=1}^{J}\bar{x}_j, \tag{7.17}$$

并定义链间方差为

$$B = \frac{L}{J-1}\sum_{j=1}^{J}(\bar{x}_j - \bar{x}_{\cdot})^2. \tag{7.18}$$

现如对 j 个链的链内方差为 $s_j^2 = \frac{1}{L-1}\sum\limits_{t=D}^{D+L-1}\left(x_j^{(t)} - \bar{x}_j\right)^2$, 则令

$$W = \frac{1}{J}\sum_{j=1}^{J} s_j^2 \tag{7.19}$$

代表 J 个链内方差估计的平均值. 最后, 令

$$R = \frac{\frac{L-1}{L}W + \frac{1}{L}B}{W}. \tag{7.20}$$

如果所有的链都是平稳的, 则分子和分母都应该是 X 边际方差的估计. 但如果链间有显著的差异, 则分子将会比分母大. 随着 $L \to \infty$, $\sqrt{R} \to 1$. 实际应用中, 某些学者建议可以接受 $\sqrt{R} < 1.2$[194]. 如果选定的预烧期不能得到令人接受的结果, 则或者增大 D, 或者增大 L, 或者两者同时增大. 一个保守的做法是将迭代的前一半都当作是预烧期. 如果将迭代 $x_j^{(t)}$ 做一定变换使得其分布近似为正态, 则会增强这种诊断方法的效果. 另一个可选方案是对模型重新参数化并重新运行链.

使用这种方法有一些潜在的困难. 当 f 是多峰分布的情况下, 如何选择合适的初始值也许较为困难, 如果选择不恰当, 则会导致大部分的链都长期停留在同样的子域或者峰的附近. 由于它的一维性, 这种方法对于多维的目标分布给出的收敛诊断结果也许会是错误的. [196] 给出了一些 Gelman-Rubin 统计量的改进方案, 而 [65] 则提供了关于多维目标分布情形下的推广.

Raftery 和 Lewis [444] 提出了用于估计预烧期和运行长度的一种完全不同的定量方案. 还有一些学者建议不要使用预烧 [202].

7.3.2 实际操作的建议

由上面的讨论引出如下问题：链的个数, 预烧期的迭代数以及预烧期后链的长度分别应该取什么值. 大多数的学者都不愿推荐通用的值, 因为适当的选择高度依赖于问题本身以及所使用的链挖掘 f 支撑域的速度和效率. 类似地, 可允许的运算时间也在一定程度上决定了这些值的选择. 在过去几年发表的一些分析研究中, 曾使用过从零到数万的预烧期以及从数千到上百万的链的长度. 诊断通常依赖于三个或更多的链. 5 至 10 年前, 预烧期和链的长度只有现在的十分之一. 由于计算速度的高速发展, MCMC 所应用的范围和强度也随之大量增加.

总之, 这里我们重述 7.3.1 节第 2 部分中所作的推荐, 也就是与文献 [108] 相一致. 首先, 建立多个具有不同初始值的试验性的链. 然后, 使用一些如前面所讨论的诊断方法确保链具有良好的混合并且近似地收敛到平稳分布. 接下来用一个新的种子生成随机数并重新启动最终的长链.

为了更好地了解 MCMC 方法及其表现, 从头开始编写这些算法是最为直接的方法. 而若考虑更容易的实现方法, 各种已有的软件包可用来自动地实现 MCMC 算法及相应的诊断. 目前最全面的软件是 WinBUGS (Bayesian inference Using Gibbs Sampling) [515]. 而像 BOA (Bayesian Output Analysis) [512] 这样的软件使使用者容易利用 S-Plus [476] 或 R [199] 等统计软件包构造相关的诊断方法. 大多数这样的软件都可在互联网上免费得到.

7.3.3 使用结果

这里我们考虑 MCMC 算法输出结果的一些常用的概要; 更进一步描述可见 7.4

节中的例子.

首先来看边际分布. 如果 $\boldsymbol{X}^{(t)}$ 代表一个 p 维马氏链, 则 $\{X_i^{(t)}\}$ 是某极限分布为 f 的第 i 个边际分布的马氏链. 如果我们仅关心这个边际的性质, 则可舍弃剩余的模拟并分析 $X_i^{(t)}$ 的实现.

标准的描述性统计量, 比如均值、方差, 通常是我们所关心的 (见 7.1 节). 最常用的估计基于经验平均. 舍弃预烧期, 然后利用

$$\frac{1}{L}\sum_{t=D}^{D+L-1} h\left(\boldsymbol{X}^{(t)}\right) \tag{7.21}$$

作为 $\mathrm{E}\{h(\boldsymbol{X})\}$ 的估计来计算我们关心的统计量, 其中 L 是舍弃预烧迭代后链所剩余的运行长度. 即使 $\boldsymbol{X}^{(t)}$ 是序列相关的, 该估计也是相合的. 有一些从极限理论出发的观点赞成不要使用预烧 (也就是 $D=1$) [365]. 但是, 由于用于计算 (7.21) 估计的迭代数毕竟有限, 所以大多数研究者倾向于使用预烧期来减少这些可能与目标分布相差甚远的初始值对估计的影响. 应该注意的是, 我们不需要对每个感兴趣的量都运行一个链. 在获得由链得到的 $\boldsymbol{X}^{(t)}$ 的实现之后, 任何量都可由这些实现值推断而得. 特别地, 任何事件的概率都可由该事件在链上所出现的频率来估计.

其他的估计方法也有发展. (6.77) 中的 Riemann 和估计已被证明比上面所介绍的标准估计有更快的收敛速度. 6.3 节中所讨论的其他方差缩减技术, 比如 Rao-Blackwellization, 可用于减少估计的 Monte Carlo 方差 [431].

Monte Carlo, 或者模拟的估计量的标准误也是我们感兴趣的量之一. 形如 (7.21) 的原始标准误的估计由 L 个预烧后的实现的标准差除以 $\sqrt{L}$ 得到. 然而, 通常 MCMC 的实现是正相关的, 这样就会低估标准误. 一个自然的修正方法是基于系统子样来计算标准误, 也就是说, 预烧后的每 k 个迭代. 然而该方法不是很有效 [365]. 标准误的一种简单估计方法是所谓的*批次方法*[80, 282]. 将 L 个迭代分为几个批次, 比如, 50 个连续的迭代为一批. 计算每一批的均值. 则标准误的估计为这些均值的标准差除以批次个数的平方根. 其他一些估计 Monte Carlo 方差的方法可参见 [91, 204, 456, 514].

分位数估计以及其他区间估计经常也是我们需要的. 各种分位数的估计, 比如中位数或 50% 分位点, 都可由链的实现值的相应的分位点来估计. 这些可简单地通过 (7.21) 来估计尾部概率然后用逆向关系来找到.

对于 Bayesian 分析, 最高后验概率 (HPD) 区间的计算经常也是我们感兴趣的 (见 1.5 节). 对于对称的后验分布, $(1-\alpha)\%$ HPD 区间估计就是迭代的第 $(\alpha/2)$ 和 $(1-\alpha/2)$ 分位点. 对于非对称的后验分布, 找到适当的区间需要更多的计算.

Chen 等人给出了这里所描述的关于简单描述统计量的更加复杂的一些方法的详细回顾 [91].

我们不应该忽视 MCMC 输出的简单图形的描述. 分位数的直方图有着广泛的应用, 比如对任意感兴趣的 h, 我们可画出 $h\left(\boldsymbol{X}^{(t)}\right)$ 的实现的直方图. 或者, 我们可使用第 10 章中所介绍的密度估计技术来描述一组得到的值. 画出散点图和其他的一些描述性图像来说明 f 的关键特性也是实际应用中很常用的方法.

7.3.4 例: 软毛海豹幼崽的捕获–再捕获数据

我们用一个包含了很多前面所介绍的方法的例子来总结一下.

由于商业捕杀和生存性捕杀, 软毛海豹种群在几个世纪后严重减少, 而最近几年, 其数量在新西兰却逐渐增多起来. 这种增多引起了科学家们极大的兴趣. 关于这些动物已有大量的研究 [55, 56, 345].

我们的目标是利用捕获–再捕获方法来估计一个软毛海豹族群中幼崽的数量 [496]. 在这些研究中, 需要重复地获得未知大小的数量. 在该问题中, 这个数量就是软毛海豹幼崽的数量. 任何单一的普查都不可能提供关于总体数量的完整的调查, 甚至也不需要尝试去捕获大部分的个体. 每次调查中被捕获的个体都会被做上标记然后再放生回去. 一个被标记过的个体在接下来的调查中再次被捕获则被称为一个再捕获. 总体数量可基于捕获与再捕获的历史数据来估计. 高再捕获率说明真实的总体大小不会超出被捕获过的不同个体的总数很多.

令 N 为未知总体的大小, 现欲利用 I 次调查所得到的总的捕获 (包括再捕获) 数目来估计 N, 这些数目被记为 $\boldsymbol{c}=(c_1,\cdots,c_I)$. 我们假设抽样期间内总体数目不再变化, 也就意味着在这一期间内出生, 死亡, 以及迁徙是无关紧要的. 在该研究中被捕获的不同个体的总数记作 r.

我们这里考虑的模型是每次调查的捕获概率未知且 $\boldsymbol{\alpha}=(\alpha_1,\cdots,\alpha_I)$. 此模型假设所有动物在任一捕获期内是等可能被捕获的, 但捕获的概率随时间而变. 该模型的似然为

$$L(N,\boldsymbol{\alpha}|\boldsymbol{c},r)\propto\frac{N!}{(N-r)!}\prod_{i=1}^{I}\alpha_i^{c_i}(1-\alpha_i)^{N-c_i}. \tag{7.22}$$

经常称此模型为 $M(t)$ 模型.

在新西兰南岛的 Otago 半岛所作的捕获–再捕获研究中, 一个季度 7 次调查中软毛海豹被标记然后释放. 假设海豹幼崽总体在该研究期间内不变是合理的. 表 7.1 给出的是在 i 次调查 $(i=1,\cdots,7)$ 中, 所捕获的海豹幼崽的数量 (c_i) 以及在这些捕获中对应的之前未被捕获过的幼崽的数量 (m_i). 在抽样期间总的观测到的不同个体的总数为 $r=\sum\limits_{i=1}^{7}m_i=84$.

现考虑估计, 我们可使用等级 Bayesian 框架来处理, 即假设 N 和 α 相互独立且有如下先验分布: 对于 N, 非信息化的 Jeffreys 先验 $f(N)\propto 1/N$; 对于捕获概率, $f(\alpha_i|\theta_1,\theta_2)=\text{Beta}(\theta_1,\theta_2), i=1,\cdots,7$, 且假设它们是先验可交换的. 文献中一些研

究指出 $M(t)$ 模型对于捕获概率的先验分布相当敏感 [201]. 为了减轻这种敏感, 我们介绍 (θ_1,θ_2) 的一种超先验: $f(\theta_1,\theta_2) \propto \exp\{-(\theta_1+\theta_2)/1\,000\}$, 其中假设 (θ_1,θ_2) 与其他参数是先验独立的. 接下来, 通过模拟条件后验分布可构造一种 Gibbs 抽样

$$N-84|\cdot \sim \text{NegBin}\left(84, 1-\prod_{i=1}^{7}(1-\alpha_i)\right), \tag{7.23}$$

$$\alpha_i|\cdot \sim \text{Beta}(c_i+\theta_1, N-c_i+\theta_2), \quad i=1,\cdots,7, \tag{7.24}$$

$$\theta_1,\theta_2|\cdot \sim k\left[\frac{\Gamma(\theta_1+\theta_2)}{\Gamma(\theta_1)\Gamma(\theta_2)}\right]^7 \prod_{i=1}^{7}\alpha_i^{\theta_1}(1-\alpha_i)^{\theta_2}\exp\left\{-\frac{\theta_1+\theta_2}{1\,000}\right\}, \tag{7.25}$$

其中 $|\cdot$ 表示以 $\{N,\alpha,\theta_1,\theta_2\}$ 的其他参数和表 7.1 中的数据为条件, NegBin 为负二项分布, k 是未知参数. 注意从 (7.25) 中抽样并不容易. 因此我们建议对 (7.25) 式采用 Gibbs 抽样与 Metropolis-Hasting 算法中的其中一步混合的抽样方法.

表 7.1　一个季度中 7 次调查的软毛海豹数据

		调查尝试, i						
		1	2	3	4	5	6	7
捕获数量	c_i	30	22	29	26	31	32	35
捕获的新软毛海豹数量	m_i	30	8	17	7	9	8	5

然而, 关于 (θ_1,θ_2) 生成一条充分混合并且收敛的链存在很大的困难. 为了改善这种情况, 将 (θ_1,θ_2) 变换为 $\boldsymbol{U}=(U_1,U_2)=(\log\theta_1,\log\theta_2)$. 这样做可以使一步随机游动有效地更新 $\boldsymbol{U}$ 的数据. 特别地, 提案值 $\boldsymbol{U}^*$ 可以通过抽取 $\epsilon \sim N(0, 0.085^2\boldsymbol{I})$ 获得 (其中 $\boldsymbol{I}$ 为 2×2 的单位矩阵), 之后令 $\boldsymbol{U}^*=u^{(t)}+\epsilon$. 为达到关于 $\boldsymbol{U}$ 更新数据的 23% 可接受率的选择标准差为 0.085. 回想例 7.2 中的 (7.8) 式, 为反映变量的变化, 需要我们将 (7.24) 式转化为 (7.25) 式. 因此 (7.24) 式为

$$\alpha_i|\cdot \sim \text{Beta}(c_i+\exp\{u_1\}, N-c_i+\exp\{u_2\}), \quad i=1,\cdots,7,$$

且 (7.25) 式为

$$\begin{aligned} U_1,U_2|\cdot \sim & k_u\exp\{u_1+u_2\}\left[\frac{\Gamma(\exp\{u_1\}+\exp\{u_2\})}{\Gamma(\exp\{u_1\})\Gamma(\exp\{u_2\})}\right]^7 \\ & \times\prod_{i=1}^{7}\alpha_i^{\exp\{u_1\}}(1-\alpha_i)^{\exp\{u_2\}}\exp\left\{-\frac{\exp\{u_1\}+\exp\{u_2\}}{1\,000}\right\}, \end{aligned}$$

其中 k_u 是未知常数.

下面预烧试验的结果基于一条迭代 100 000 次的链得到, 其中前 1 000 次迭代被去掉. 图 7.7 中给出的是后 5 000 次迭代的样本路径. 图 7.7 右边的图表示的是

$U_1^{(t)}$ 和 $U_2^{(t)}$ 两个变量的样本路径. 基于 5 轮 100 000 次迭代, N 的 Gelman-Rubin 统计量 (7.20) 为 1.000 47, 这说明 $N^{(t)}$ 链基本上是平稳的.

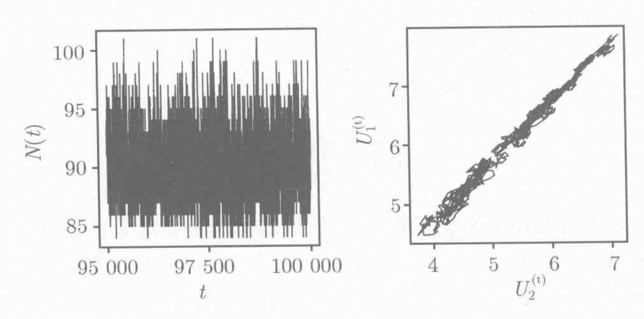


图 7.7　海豹幼崽例子中最后 5 000 次迭代对于 N (左图) 和 $\boldsymbol{U}$ (右图) 的样本路径

图 7.8 表示均值取值捕获概率的盒子图, $\bar{\alpha}^{(t)} = \frac{1}{7}\sum_{i=1}^{7} \alpha_i^{(t)}$ 对应 $N^{(t)}$. 正如我们所期望的, 随捕获概率的均值减少, 总体数目增加. 图 7.9 是关于 $N^{(t)}$ 的直方图, 关于 N 的后验推断可以以此为根据. 在 (84, 95) 中的一个 95% 的 HPD 区间内, N 的后验均值为 90.

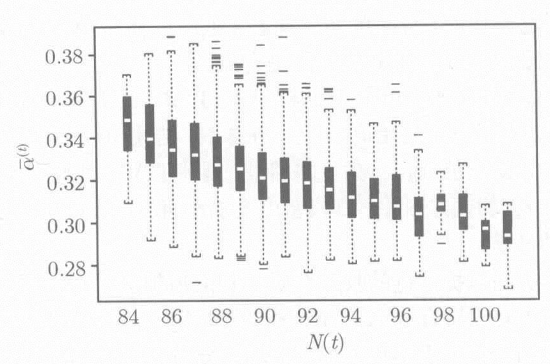


图 7.8　海豹幼崽例子的 $\bar{\alpha}^{(t)}$ 对应 $N^{(t)}$ 的盒子图

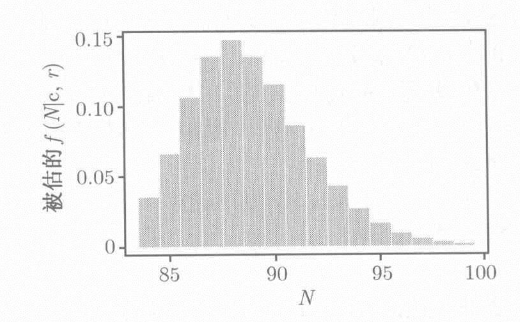


图 7.9　海豹幼崽例子中 N 的可估边缘后验概率

(7.22) 式给出的似然方程只是需要考虑的捕获–再捕获模型的众多形式之一. 例如, 有着常见捕获概率的模型可能更加适合. 此问题的另一种参数化方法也可以用来研究提高 MCMC 方法的收敛性和混合性, 因为收敛性与混合性在很大程度上依赖于参数化和 (θ_1, θ_2) 的更新.

问 题

7.1 本问题的目的是研究在用来模拟参数 δ 的后验分布的 Metropolis-Hasting 算法中提案分布的作用. 在 (a) 中, 要求模拟参数 δ 已知的分布的数据. 在 (b)—(d) 中, 假设 δ 未知, 其先验分布为 Unif(0,1). 并且对于 (b)—(d), 给出适用的图以及概括算法输出的一个表. 为方便比较, 我们对此算法使用相同的迭代次数、随机种子、起始值以及预烧周期.

(a) 模拟 (7.6) 式混合分布中的 200 个数据, 其中 $\delta = 0.7$. 画出这些数据的直方图.

(b) 实现一条独立链 MCMC 过程来模拟 δ 的后验分布, 并使用来自 (a) 中的数据.

(c) 实现一条随机游动链, 其中 $\delta^* = \delta^{(t)} + \epsilon$, $\epsilon \sim \text{Uinf}(-1, 1)$.

(d) 重新参数化问题令 $U = \log\{\delta/(1-\delta)\}$ 以及 $U^* = u^{(t)} + \epsilon$. 同 (7.8) 式, 在 U- 空间中实现一条随机游动链.

(e) 比较三种算法在估计和收敛方面的表现.

7.2 模拟 (7.6) 式的混合分布十分简单. (见问题 7.1(a)). 然而, 利用 Metropolis-Hastings 算法模拟此分布对于研究提案分布的作用是有益的.

(a) 用一个 Metropolis-Hastings 算法模拟 (7.6) 式, 其中 $\delta = 0.7$, 并以 $N(x^{(t)}, 0.01^2)$ 为提案分布. 对于三个起始值, $x^{(t)} = 0, 7, 15$, 迭代 10 000 次. 画出每条链的输出的样本路径. 如果只能获得一条样本路径, 则关于此链可得到什么结论呢? 对于每个模拟, 给出数据的直方图并将真实密度叠加在直方图上. 基于三条链的输出, 可说明链有怎样的性质?

(b) 现改变提案分布以提高链的收敛性质. 使用新的提案分布, 重复 (a).

7.3 在一个以原点为中心周长为 8 的正方形内, 考虑半径为 1 的圆盘 D. 于是圆盘 D 与正方形的面积比为 $\pi/4$. 令 f 表示正方形上的均匀分布. 因此, 样本点 $(X_i, Y_i) \sim f(x, y), i = 1, \cdots, n$, $\hat{\pi} = \frac{4}{n} \sum_{i=1}^{n} \mathbf{1}_{\{(X_i, Y_i) \in D\}}$ 为 π 的估计 (其中当 A 为真时 $\mathbf{1}_{\{A\}}$ 为 1, 否则为 0).

我们用如下方法估计 π. 起始值为 $(x^{(0)}, y^{(0)}) = (0, 0)$. 此后, 如下生成候选值. 首先, 生成 $\epsilon_x^{(t)} \sim \text{Unif}(-h, h)$ 以及 $\epsilon_y^{(t)} \sim \text{Unif}(-h, h)$. 如果 $(x^{(t)} + \epsilon_x^{(t)}, y^{(t)} + \epsilon_y^{(t)})$ 落在正方形之外, 则重新生成 $\epsilon_x^{(t)}$ 和 $\epsilon_y^{(t)}$, 直至 $(x^{(t)} + \epsilon_x^{(t)}, y^{(t)} + \epsilon_y^{(t)})$ 落在正方形之内. 令 $(X^{(t+1)}, Y^{(t+1)}) = (x^{(t)} + \epsilon_x^{(t)}, y^{(t)} + \epsilon_y^{(t)})$. 增加 t. 这将生成覆盖正方形的样本点. 当 $t = n$ 时, 停止并如上所述计算 $\hat{\pi}$.

(a) 实施此方法, 其中 $h = 1$ 且 $n = 20\,000$. 计算 $\hat{\pi}$. 论述增大 n 会有怎样的影响? 增大或减少 h 会有怎样的影响?

(b) 解释此方法存在缺陷的原因. 使用相同的方法生成候选值, 通过引入 Metropolis-Hastings 比率给出正确的方法. 证明给出的抽样方法以正方形上的均匀分布为平稳分布.

(c) 实施 (b) 中的方法并计算 $\hat{\pi}$. 论述再次使用 n 和 h 的试验过程.

7.4 得出 (7.15) 式的条件分布.

7.5 实施一项临床试验以确定一种激素疗法对之前接受过乳腺癌治疗的妇女是否有益. 当病患复发时, 对病人进行临床试验. 对病人进行化疗, 并将其分成激素治疗组和对照组. 我们要的观测值是到下一次复发的时间, 可以认为其服从一个参数为 $\tau\theta$ (激素治疗组) 或 θ (对照组) 的指数分布. 在临床试验结束前, 有很多妇女没有第二次复发, 因此她们的复发时间被删失.

在表 7.2 中, 一个删失时间 M 代表此病人被观测了 M 个月并且在这段时间没有复发, 因此她的复发时间是超过 M 个月的. 例如, 接受激素疗法的 15 名妇女病患复发, 她们复发时间总数为 280 个月.

表 7.2　乳腺癌数据

	激素治疗组						对照组					
复发时间	2	4	6	9	9	9	1	4	6	7	13	24
	13	14	18	23	31	32	25	35	35	39		
	33	34	43									
删失时间	10	14	14	16	17	18	1	1	3	4	5	8
	18	19	20	20	21	21	10	11	13	14	14	15
	23	24	29	29	30	30	17	19	20	22	24	24
	31	31	31	33	35	37	24	25	26	26	26	28
	40	41	42	42	44	46	29	29	32	35	38	39
	48	49	51	53	54	54	40	41	44	45	47	47
	55	56					47	50	50	51		

令 $y_i^H = (x_i^H, \delta_i^H)$ 为激素疗法组中的第 i 个人的数据, 其中 x_i^H 为时间, 且如果 x_i^H 是复发时间则 δ_i^H 为 1, 如果 x_i^H 是删失时间则 δ_i^H 为 0. 对照组的数据可用类似方法给出.

因此似然方程为

$$L(\theta,\tau|\boldsymbol{y}) \propto \theta^{(\sum \delta_i^C + \sum \delta_i^H)} \tau^{(\sum \delta_i^H)} \exp\left\{-\theta \sum x_i^C - \tau\theta \sum x_i^H\right\}.$$

你被药品公司雇佣分析他们的数据. 药品公司想要知道激素疗法是否有效, 因此需要你利用 Gibbs 抽样方法寻找 τ 的边际后验分布. 用 Bayes 方法分析这些数据, 并使用共轭先验

$$f(\theta,\tau) \propto \theta^a \tau^b \exp\{-c\theta - d\theta\tau\}.$$

有专门从事激素疗法的医师对于超参数给出合理的值 $(a,b,c,d) = (3,1,60,120)$.

(a) 概括数据, 描点绘图.

(b) 得到实现 Gibbs 抽样必需的条件分布.

(c) 编程运行 Gibbs 抽样. 使用一系列收敛诊断方法来评价抽样的收敛性和混合性. 解释诊断结果.

(d) 计算可估的联合后验分布的描述性统计量, 包括边际均值、标准差以及对每一个参数的 95% 的概率区间. 将这些结果作成表.

(e) 创建一个图表示 τ 的先验分布和估计的后验分布, 要求在同一刻度下重叠画出.

(f) 为药品公司解释你的结果. 特别是对 τ 的估计对临床试验有何意义? 激素疗法组的复发时间与对照组相比是否显著不同?

(g) 对 Bayes 分析常见的批评是其结果过于依赖先验. 通过对原始超参数值一半或二倍的超参数重复实施 Gibbs 抽样, 以研究该问题. 给出描述统计量的表用以比较结果. 这种做法称为敏感度分析. 基于你的结果, 就其对于超参数值的敏感度而言, 你对药品公司有何建议?

7.6 利用例 6.4 中给出的关于从 1951 年到 1962 年煤矿事故的数据. 对于这些数据, 假设模型

$$X_i \sim \begin{cases} \text{Poisson}(\lambda_1), & i = 1, \cdots, \theta, \\ \text{Poisson}(\lambda_2), & i = \theta + 1, \cdots, 112. \end{cases} \tag{7.26}$$

假设 $\lambda_i|\alpha \sim \text{Gamma}(3, \alpha)$, 其中 $i = 1, 2,\ \ \alpha \sim \text{Gamma}(10, 10)$, 并假设 θ 服从 $\{1, \cdots, 112\}$ 上的离散均匀分布. 问题的目的是要通过 Gibbs 抽样估计模型参数的后验分布.

(a) 对于变点模型, 得出实现 Gibbs 抽样所需的条件分布.

(b) 实施 Gibbs 抽样. 用一系列收敛诊断方法来评价抽样的收敛性和混合性.

(c) 创建密度直方图以及关于 θ, λ_1 和 λ_2 的近似后验分布的描述统计量的表. 在问题背景下解释结果.

7.7 考虑分层嵌套模型

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_{j(i)} + \epsilon_{ijk}, \tag{7.27}$$

其中 $i = 1, \cdots, I,\ j = 1, \cdots, J_i,\ k = 1, \cdots, K$. 对于每个 i 和 j, 对 k 求平均, 则我们可以将模型 (7.27) 重写为

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_{j(i)} + \epsilon_{ij}, \quad i = 1, \cdots, I, j = 1, \cdots, J_i, \tag{7.28}$$

其中 $Y_{ij} = \sum\limits_{k=1}^{K} Y_{ijk}/K$. 假设 $\alpha_i \sim N(0, \sigma_\alpha^2)$, $\beta_{j(i)} \sim N(0, \sigma_\beta^2)$, 以及 $\epsilon_{ij} \sim N(0, \sigma_\epsilon^2)$, 其中每组参数是独立的先验分布. 假设已知 σ_α^2 , σ_β^2, σ_ϵ^2. 为对模型进行 Bayes 推断, 假设对 μ 有一个不是特别恰当的均匀先验, 使得 $f(\mu) \propto 1$. 对此问题我们考虑 Gibbs 抽样的如下两种形式 [463].

(a) 令 $n = \sum\limits_i J_i, y_{\cdot\cdot} = \sum\limits_{ij} y_{ij}/n$, 以及 $y_{i\cdot} = \sum\limits_j y_{ij}/J_i$. 证明在迭代 t 次时, 实现该模型 Gibbs 抽样所需的条件分布如下

$$\mu^{(t+1)} \big| \left(\boldsymbol{\alpha}^{(t)}, \boldsymbol{\beta}^{(t)}, \boldsymbol{y}\right) \sim N\left(y_{\cdot\cdot} - \frac{1}{n}\sum_i J_i \alpha_i^{(t)} - \frac{1}{n}\sum_{j(i)} \beta_{j(i)}^{(t)}, \frac{\sigma_\epsilon^2}{n}\right),$$

$$\alpha_i^{(t+1)} \big| \left(\mu^{(t+1)}, \boldsymbol{\beta}^{(t)}, \boldsymbol{y}\right) \sim N\left(\frac{J_i V_1}{\sigma_\epsilon^2}\left(y_{i\cdot} - \mu^{(t+1)} - \frac{1}{J_i}\sum_j \beta_{j(i)}^{(t)}\right), V_1\right),$$

$$\beta_{j(i)}^{(t+1)} \big| \left(\mu^{(t+1)}, \boldsymbol{\alpha}^{(t+1)}, \boldsymbol{y}\right) \sim N\left(\frac{V_2}{\sigma_\epsilon^2}\left(y_{ij} - \mu^{(t+1)} - \alpha_i^{(t+1)}\right), V_2\right),$$

其中 $V_1=\left(\frac{J_i}{\sigma_\epsilon^2}+\frac{1}{\sigma_\alpha^2}\right)^{-1}$，$V_2=\left(\frac{1}{\sigma_\epsilon^2}+\frac{1}{\sigma_\beta^2}\right)^{-1}$.

(b) Gibbs 抽样的收敛率有时可通过重新参数化得到提高. 重新参数化的一种方法称为分层中心化法. 对于本模型, 给出分层中心化法如下. 令 Y_{ij} 如 (7.28) 式定义, 现令 $\eta_{ij}=\mu+\alpha_i+\beta_{j(i)}$, 因此有 $Y_{ij}\sim N\left(\eta_{ij},\sigma_\epsilon^2\right)$. 之后, 令 $\gamma_i=\mu+\alpha_i$, 并且有 $\eta_{ij}|\gamma_i\sim N\left(\gamma_i,\sigma_\beta^2\right)$，$\gamma_i|\mu\sim N\left(\mu,\sigma_\alpha^2\right)$. 同上, 假设已知 σ_α^2 , $\sigma_\beta^2,\sigma_\epsilon^2$, 并且 μ 有一个均匀先验分布. 证明实现模型的 Gibbs 抽样所需的条件分布如下

$$\mu^{(t+1)}\left|\left(\boldsymbol{\gamma}^{(t)},\boldsymbol{\eta}^{(t)},\boldsymbol{y}\right)\sim N\left(\frac{1}{I}\sum_i\gamma_i^{(t)},\frac{1}{I}\sigma_\alpha^2\right)\right.,$$

$$\gamma_i^{(t+1)}\left|\left(\boldsymbol{\mu}^{(t+1)},\boldsymbol{\eta}^{(t)},\boldsymbol{y}\right)\sim N\left(V_3\left(\frac{1}{\sigma_\beta^2}\sum_j\eta_{ij}^{(t)}+\frac{\mu^{(t+1)}}{\sigma_\alpha^2}\right),V_3\right)\right.,$$

$$\eta_{ij}^{(t+1)}\left|\left(\boldsymbol{\mu}^{(t+1)},\boldsymbol{\gamma}^{(t+1)},\boldsymbol{y}\right)\sim N\left(V_2\left(\frac{y_{ij}}{\sigma_\epsilon^2}+\frac{\gamma_i^{(t+1)}}{\sigma_\beta^2}\right),V_2\right)\right.,$$

其中 $V_3=\left(\frac{J_i}{\sigma_\beta^2}+\frac{1}{\sigma_\alpha^2}\right)^{-1}$.

7.8 在问题 7.7 中, 要求在两个参数化模型中实施 Gibbs 抽样. 本问题是要比较抽样的表现.

本书的网站提供了关于生产颜料膏的含水量的数据集 [52]. 在颜料的批量生产中, 需对每批颜料的含水量做分析检验. 随机抽取 15 批颜料, 分析其数据. 对每一批颜料, 随机抽取两个独立样本, 每个样本被测量两次. 在以下的分析中, 令 $\sigma_\alpha^2=86$, $\sigma_\beta^2=58$ 和 $\sigma_\epsilon^2=1$.

实施两个 Gibbs 抽样如下. 为方便比较两个抽样, 我们对两个方案采用相同的迭代次数、随机种子、起始值以及预烧期.

(a) 利用对问题 7.7(a) 的 Gibbs 抽样来分析数据. 分区组实施抽样. 例如, $\alpha=(\alpha_1,\cdots,\alpha_{15})$ 为一个区组, 其中因其条件分布相互独立, 可同时更新所有参数. 在一次循环中以一种确定的顺序更新区组. 例如, 依次生成 $\mu^{(0)}$, $\boldsymbol{\alpha}^{(0)}$, $\boldsymbol{\beta}^{(0)}$, 接着生成 $\mu^{(1)}$, $\boldsymbol{\alpha}^{(1)}$, $\boldsymbol{\beta}^{(1)}$, 依次类推.

(b) 利用对问题 7.7(b) 的 Gibbs 抽样分析数据. 在每次循环中以一种确定的顺序更新区组来实施抽样机, 依次更新 $\mu^{(0)}$, $\boldsymbol{\gamma}^{(0)}$, $\boldsymbol{\eta}^{(0)}$, 接着更新 $\mu^{(1)}$, $\boldsymbol{\gamma}^{(1)}$, $\boldsymbol{\eta}^{(1)}$, 依次类推.

(c) 通过对上述方案进行下面的诊断, 比较两种算法的表现.

i. 在去除预烧迭代后, 计算所有参数的两两之间的相关性.

ii. 在每一种方案中选择几个参数并对每个参数创建其自相关图.

你也可以考虑用其他诊断方法进行比较. 对于本问题, 你推荐采用标准的还是重新参数化的模型?

第 8 章　MCMC 中的深入论题

MCMC 的理论和应用快速发展, 不断创新. 本章将讨论一些高级的 MCMC 方法并应用 MCMC 解决一些具有挑战性的统计问题. 最近的工作大多集中在发展 Bayes 推断方法上. 8.1—8.3 节介绍了在 Bayes 的推断中的辅助变量、可逆跳跃以及完美抽样方法, 同时这些抽样方法还可用于解决其他问题. 8.4 节应用 MCMC 方法对空间或图像数据做 Bayes 推断. 8.5 节讨论了 MCMC 方法在极大似然估计中的应用.

8.1　辅助变量方法

MCMC 方法发展的一个重要方面是辅助变量方法. 在很多情况中, 如 Bayes 空间格子模型, 标准的 MCMC 方法由于充分混合的时间太长而不适合实际应用. 此时, 有一种补救的方法是增大我们感兴趣的变量的状态空间. 此方法可以使链更快混合并且比第 7 章中给出的标准方法需要更少调节.

此处我们继续沿用第 7 章中的记号, 令 $\boldsymbol{X}$ 为一随机变量, 在其状态空间中, 我们模拟一条马氏链, 通常用其估计随机变量 $\boldsymbol{X}$ 函数的期望, 其中 $\boldsymbol{X} \sim f(\boldsymbol{x})$. 在 Bayes 应用中, 重要的一点是要记住在 MCMC 过程中模拟的随机变量 $\boldsymbol{X}^{(t)}$ 通常为参数向量, 而我们最感兴趣的是它的后验分布. 考虑某可估但不易抽样的目标函数 f. 我们给 $\boldsymbol{X}$ 的状态空间增加辅助向量 $\boldsymbol{U}$ 的状态空间来构造一种辅助变量算法. 然后我们在联合状态空间 $(\boldsymbol{X}, \boldsymbol{U})$ 中构造一条马氏链, 其平稳分布为 $(\boldsymbol{X}, \boldsymbol{U}) \sim f(\boldsymbol{x}, \boldsymbol{u})$, 将平稳分布边际化可以得到目标分布 $f(\boldsymbol{x})$. 当模拟完成时, 仅根据 $\boldsymbol{X}$ 的边际分布做出推断. 例如, $\mu = \int h(\boldsymbol{x}) f(\boldsymbol{x}) \mathrm{d}\boldsymbol{x}$ 的蒙特卡罗估计为 $\hat{\mu} = \frac{1}{n} \sum_{t=1}^{n} h(\boldsymbol{X}^{(t)})$, 其中 $(\boldsymbol{X}^{(t)}, \boldsymbol{U}^{(t)})$ 在扩充后的链中被模拟, 但是 $\boldsymbol{U}^{(t)}$ 被去除.

辅助变量 MCMC 方法是在统计物理学的文献中引入的 [151, 526]. 这种方法的潜在用途引起 Besag 和 Green 的注意, 并且很多这种方法的改良策略已经得到了充分地发展 [35, 113, 286]. 对于解决在其他领域中具有挑战性的统计问题, 增加我们感兴趣的变量不失为一种有效方法, 比如在第 4 章中给出的 EM 算法以及在 8.2 节中将要给出的可逆跳跃算法. 对于 EM 算法与 MCMC 算法中辅助变量方法的联系将在 [542] 中作进一步的探讨.

下面我们给出模拟回火作为说明辅助变量方法的例子. 另外一个重要的例子 —— 切片抽样将在 8.1.1 节中讨论. 8.4.2 节给出了辅助变量在分析空间或图像数据中的应用.

例 8.1 (模拟回火) 在高维、多峰或 MCMC 混合缓慢等问题中, 可能需要运行极长的链以获得感兴趣的量的好的估计. 模拟回火方法可解决这一问题 [206, 371]. 模拟回火基于一系列常见样本空间上的非规范化密度 f_i, $i=1,\cdots,m$. 这些密度被看作从冷 $(i=0)$ 到热 $(i=m)$ 的变化. 我们通常只要求推断冷密度, 同时研究其他的密度以提高混合性. 事实上, 密度应该设计得更暖一些, 以便 MCMC 对其混合的速度相比 f_1 而言更快.

考虑扩充后的变量 $(\boldsymbol{X}, I)$, 其中温度 I 为随机变量, 其先验分布为 $I \sim p(i)$. 令起始值为 $(\boldsymbol{x}^{(0)}, i^{(0)})$, 我们在扩充后的空间中构造 Metropolis-Hastings 抽样机如下.

(1) 从平稳分布为 $f_{i^{(t)}}$ 的链中利用 Metropolis-Hasting 或 Gibbs 更新方法抽取 $\boldsymbol{X}^{(t+1)}|i^{(t)}$.

(2) 从提案密度 $g\left(\cdot|i^{(t)}\right)$ 中生成 I^*. 一种简单做法为

$$g\left(i^*|i^{(t)}\right)=\begin{cases}1, & \text{如果 } (i^{(t)},i^*)=(1,2) \text{ 或 } (i^{(t)},i^*)=(m,m-1),\\ 1/2, & \text{如果 } \left|i^*-i^{(t)}\right|=1 \text{ 且 } i^{(t)}\in\{2,\cdots,m-1\},\\ 0, & \text{否则.}\end{cases}$$

(3) 如下接受或拒绝候选值 I^*. 定义 Metropolis-Hastings 比率为 $R_{\mathrm{ST}}(i^{(t)}, I^*, \boldsymbol{X}^{(t+1)})$, 其中

$$R_{\mathrm{ST}}(\boldsymbol{u},\boldsymbol{v},\boldsymbol{z})=\frac{f_{\boldsymbol{v}}(\boldsymbol{z})p(\boldsymbol{v})g(\boldsymbol{u}|\boldsymbol{v})}{f_{\boldsymbol{u}}(\boldsymbol{z})p(\boldsymbol{u})g(\boldsymbol{v}|\boldsymbol{u})}, \tag{8.1}$$

并且以概率 $\min\{R_{\mathrm{ST}}(i^{(t)}, I^*, \boldsymbol{X}^{(t+1)}), 1\}$ 接受 $I^{(t+1)}=I^*$. 否则, 保留当前状态的另外一个副本, 令 $I^{(t+1)}=i^{(t)}$.

(4) 返回第 1 步.

在冷分布下最简单的估计期望的方法是将由冷分布生成的值平均, 同时去除由其他 f_i 生成的值. 为更充分地利用这些数据, 注意到从扩充后的链的平稳分布中抽取的状态 $(\boldsymbol{x}, i)$ 的密度与 $f_i(\boldsymbol{x})p(i)$ 成比例. 因此, 重要性加权 $w^*(\boldsymbol{x})=\frac{\bar{f}(\boldsymbol{x})}{f_i(x)p(i)}$ 可用来估计关于 $\tilde{f}$ 的期望, 其中 $\bar{f}$ 为目标密度; 见第 6 章.

p 的先验分布由使用者设定, 其理想的选择是要使得 m 个回火分布 (即, 对 i 而言有 m 个状态) 被访问的可能性大致相等. 为使所有的回火分布在可接受的一段运行时间内被访问, m 必须相当小. 另一方面, 每对相邻的回火分布在扩充后的链上一定要有充分的重叠, 才能较容易地从一个分布移向到另一个分布. 而这就要求一个较大的 m. 为平衡这两方面的要求, 我们建议 m 的选择要使得接受率在 7.3.1 节第 1 部分给出的范围之内. 对此问题的改进、推广及相关技术在 [203, 206,

297, 357, 409] 给出. 回火模拟、其他 MCMC 和重要性抽样方法的关系在 [367, 581] 中讨论.

我们可由第 3 章的模拟退火最优算法联想到这里的模拟回火. 假设在 θ 的状态空间中进行模拟回火. 令 $L(\boldsymbol{\theta})$ 和 $q(\boldsymbol{\theta})$ 分别为 $\boldsymbol{\theta}$ 的似然分布和先验分布. 如果我们令 $f_i(\boldsymbol{\theta}) = \exp\left\{\frac{1}{\tau_i}\log\{q(\boldsymbol{\theta})L(\theta)\}\right\}$, 其中 $\tau_i = i$ 和 $i = 1, 2, \cdots$, 则 $i = 1$ 将冷分布与 $\boldsymbol{\theta}$ 的后验分布联系起来, 并且 $i > 1$ 产生日益平坦的加热分布来提高混合性. (8.1) 式使我们想起 3.4 节中模拟退火算法的第 2 步, 最小化负对数后验分布. 我们之前已经注意到模拟退火在寻找最优值的过程中生成了一个时间非齐次的马氏链 (3.4.1 节第 2 部分). 而模拟回火同样得到一条马氏链, 只是模拟回火并不像模拟退火那样系统地冷却. 模拟回火和模拟退火两个过程都使用了暖分布以帮助研究状态空间.

切片抽样机

一项重要的辅助变量 MCMC 技术称为**切片抽样机** [113, 286, 410]. 对一元变量 X 考虑使用 MCMC 方法, 其中 $X \sim f(x)$, 并且假设从 f 中不能直接抽样. 引进一元辅助变量 U 使我们可以考虑目标密度, 其中 $(X, U) \sim f(x, u)$. $f(x, u) = f(x)f(u|x)$ 说明一个辅助变量 Gibbs 抽样方法是在 X 和 U 的更新值间交替进行的 [286]. 此方法的关键是对于 X 选择一个加速 MCMC 混合的变量 U. 在切片抽样机的 $t+1$ 次迭代中, 我们根据下式交替生成 $X^{(t+1)}$ 和 $U^{(t+1)}$

$$U^{(t+1)}|x^{(t)} \sim \text{Unif}\left(0, f\left(x^{(t)}\right)\right), \tag{8.2}$$

$$X^{(t+1)}|u^{(t+1)} \sim \text{Unif}\left\{x : f(x) \geqslant u^{(t+1)}\right\}. \tag{8.3}$$

图 8.1 说明上述方法. 上图表示在 $t+1$ 次迭代时, 算法从 $x^{(t)}$ 开始. 然后从 $\text{Unif}\left(0, f(x^{(t)})\right)$ 中抽取 $U^{(t+1)}$. 上图对应沿竖直条形阴影中抽样. $X^{(t+1)}|(U^{(t+1)} = u^{(t+1)})$ 从而使得 $f(x) \geqslant u^{(t+1)}$ 的 x 值的集合中均匀抽取. 下图对应沿水平条形阴影中抽样.

在本例中, 我们可直接模拟 (8.3) 式, 然而在其他设置中集合 $\{x : f(x) \geqslant u^{(t+1)}\}$ 可更为复杂. 特别地, 如果 f 不可逆, 则 (8.3) 式中的抽样 $X^{(t+1)}|\left(U^{(t+1)} = u^{(t+1)}\right)$ 可能并不容易. 一种实现 (8.3) 式的方法是采用拒绝抽样的方法. 见 6.2.3 节.

例 8.2 (远距离峰之间的移动) 当目标分布是多峰的, 切片抽样机的一个优势就越发明显. 图 8.2 表示一个一元多峰目标分布. 如果使用一个标准的 Metropolis-Hastings 算法生成目标分布的样本, 则算法可找到分布的一个峰. 然而, 除非提案分布调节得非常好, 寻找分布的其他峰可能要经过很多次迭代. 即使找到了两个峰, 也几乎不可能从一个峰跳到另一个峰. 随着维数的增加, 该问题将更加严重. 反之, 我们考虑构造切片抽样机对图 8.2 中所示密度进行抽样. 水平的阴影区域代表在

(8.3) 中定义的集合, 其中 $X^{(t+1)}|u^{(t+1)}$ 为均匀抽样. 于是在每次迭代中切片抽样机有 50% 的可能从一个峰到另一个峰. 因此切片抽样机将用少得多的迭代次数使混合性更好. □

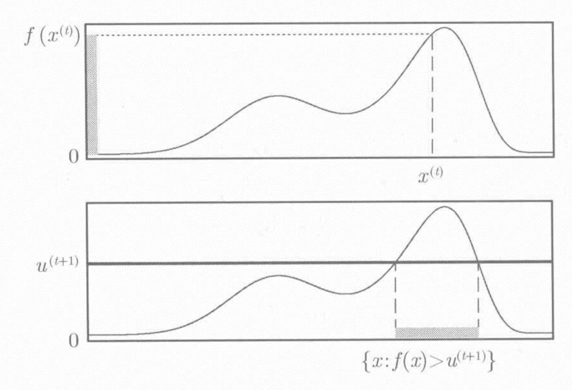


图 8.1 对目标分布 f 的一元切片抽样机的两个步骤

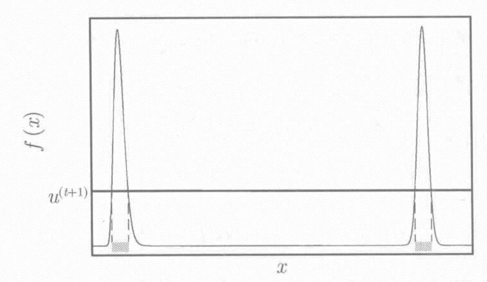


图 8.2 针对多峰目标分布的切片抽样机, 从两个水平阴影区域所对应的集合中均匀地抽取 $X^{(t+1)}|u^{(t+1)}$

切片抽样机已被证明有很好的理论性质 [398, 462], 但将其应用于实际仍存在一定困难 [410, 460]. 上述基本切片抽样机方法可以推广到包含多个辅助变量 $U_1, \cdots, U_k$ 以及 $\boldsymbol{X}$ 是多维的情况 [113, 286, 398, 462]. 同时还可以构造一种切片抽样机算法保证抽样取自马氏链的平稳分布 [83, 397]. 这其实是一种变化的完美抽样机, 对完美抽样机的讨论将在 8.3 节中给出.

8.2 可逆跳跃 MCMC

在第 7 章中我们考虑了用 MCMC 方法从平稳分布为 f 的马氏链中模拟 $\boldsymbol{X}^{(t)}$, $t = 1, 2, \cdots$. 第 7 章中给出的方法要求 $\boldsymbol{X}^{(t)}$ 的维数 (即, 其状态空间) 和 $\boldsymbol{X}^{(t)}$ 的元素意义不随 t 而改变. 在许多应用中, 我们感兴趣的是生成一条链, 允许其参数空间的维数从一次迭代到下次迭代时发生改变. Green 的可逆跳跃马氏链蒙特卡罗

(RJMCMC) 方法允许马氏链的维数发生变化 [243]. 我们将在不确定的 Bayes 模型中讨论此方法. 对于 RJMCMC 的全面综述在被引用的很多文献中都可以找到.

考虑构造一条马氏链寻找候选模型空间, 其中每一个候选模型都可用来拟合观测值 $\boldsymbol{y}$. 令 $\mathcal{M}_1, \cdots, \mathcal{M}_k$ 为我们考虑的可数个模型的集合. 参数向量 $\boldsymbol{\theta}_m$ 定义为在第 m 个模型中的参数. 不同的模型参数个数可能不同, 于是我们令 p_m 为在第 m 个模型中的参数个数. 在 Bayes 范式中, 我们可设想随机变量 $\boldsymbol{X} = (M, \theta_M)$ 共同作为模型的编号, 并且对模型进行参数推断. 我们可以给这些参数指定先验分布, 然后使用 MCMC 方法对其后验分布进行模拟, 其中抽取的第 t 个随机变量为 $\boldsymbol{X}^{(t)} = \left(M^{(t)}, \theta^{(t)}_{M^{(t)}}\right)$. 这里 $\theta^{(t)}_{M^{(t)}}$ 为抽取自标编号为 $M^{(t)}$ 的模型的参数, 维数 $p_{M^{(t)}}$ 可随 t 而变化.

因此, RJMCMC 的目的是要生成联合后验密度为 $f(m, \boldsymbol{\theta}_m|\boldsymbol{y})$ 的样本. 由 Bayes 定理我们得到后验分布

$$f(m, \boldsymbol{\theta}_m|\boldsymbol{y}) \propto f(\boldsymbol{y}|m, \boldsymbol{\theta}_m) f(\boldsymbol{\theta}_m|m) f(m), \tag{8.4}$$

其中 $f(\boldsymbol{y}|m, \theta_m)$ 表示使用第 m 个模型及其参数得到的观测数据的密度, $f(\boldsymbol{\theta}_m|m)$ 表示第 m 个模型中参数的先验密度, $f(m)$ 表示第 m 个模型的先验密度. 先验密度 $f(m)$ 的权重分配给第 m 个模型, 因此有 $\sum\limits_{m=1}^{K} f(m) = 1$.

分解后验分布

$$f(m, \boldsymbol{\theta}_m|\boldsymbol{y}) = f(m|\boldsymbol{y}) f(\boldsymbol{\theta}_m|m, \boldsymbol{y}) \tag{8.5}$$

可见如下两个重要推断. 其一, $f(m|\boldsymbol{y})$ 可解释为第 m 个模型的后验概率, 并可规范化需要考虑的所有模型. 其二, $f(\boldsymbol{\theta}_m|m, \boldsymbol{y})$ 是第 m 个模型中参数的后验密度.

对于在不同维数参数空间模型中跳跃的 $\boldsymbol{X}$, RJMCMC 能够构造合适的马氏链. 类似于较简单的 MCMC 方法, RJMCMC 方法持续产生从当前值 $\boldsymbol{x}^{(t)}$ 到 $\boldsymbol{X}^*$ 的提案步骤, 然后决定接受提案值或是保留 $\boldsymbol{x}^{(t)}$ 的另一个副本. 我们给出的链的平稳分布将是 (8.5) 中的后验分布, 如果对所有的 m_1 和 m_2, 链满足

$$f(m_1, \boldsymbol{\theta}_{m_1}|\boldsymbol{y}) a(m_2, \boldsymbol{\theta}_{m_2}|m_1, \boldsymbol{\theta}_{m_1}, \boldsymbol{y}) = f(m_2, \boldsymbol{\theta}_{m_2}|\boldsymbol{y}) a(m_1, \boldsymbol{\theta}_{m_1}|m_2, \boldsymbol{\theta}_{m_2}, \boldsymbol{y}),$$

其中 $a(\boldsymbol{x}_2|\boldsymbol{x}_1, \boldsymbol{Y})$ 表示 t 时刻位于状态 $\boldsymbol{x}_1 = (m_1, \boldsymbol{\theta}_{m_1})$ 的链在 $t+1$ 时刻移向状态 $\boldsymbol{x}_2 = (m_2, \boldsymbol{\theta}_{m_2})$ 的密度. 满足这种*具体平衡条件*的链被称为可逆的, 因为此时链的运行与时间的方向无关. 注意到如果 $\boldsymbol{X}^{(t)}$ 和 $\boldsymbol{X}^{(t+1)}$ 维数不同则链不可逆.

RJMCMC 算法的关键是在可选维数的 t 时刻和 $t+1$ 时刻引入辅助随机变量, 使得扩充后的变量 (即 $\boldsymbol{X}$ 和辅助变量) 在 t 时刻和 $t+1$ 时刻有相同的维数. 然后我们可对 t 时刻保持维数的扩充后的变量构造马尔可夫转移. 在一定的接受概率

下, 这种维数匹配的方法能够满足时间可逆性的条件, 因此可以使马氏链收敛到 $\boldsymbol{X}$ 联合后验分布. 关于链的极限理论的细节在 [244, 243] 中给出.

为理解维数匹配方法, 最简单的做法是首先考虑如何给出提案参数 $\boldsymbol{\theta}_2$, 使其对应从有 p_1 个参数的模型 $\mathcal{M}_1$ 到有 p_2 个参数的模型 $\mathcal{M}_2$ 的提案移动, 其中 $p_2 > p_1$. 一种简单的方法是从关于 $\boldsymbol{\theta}_1$ 和独立随机元素 $\boldsymbol{U}_1$ 的函数中生成 $\boldsymbol{\theta}_2$, 其中函数不可逆且是确定的, 可记作 $\boldsymbol{\theta}_2 = \boldsymbol{q}_{1,2}(\boldsymbol{\theta}_1, \boldsymbol{U}_1)$. 对于反方向移动的提案参数可通过逆变换得到, $(\theta_1, \boldsymbol{U}_1) = \boldsymbol{q}_{1,2}^{-1}(\theta_2) = \boldsymbol{q}_{2,1}(\boldsymbol{\theta}_2)$. 注意到 $\boldsymbol{q}_{2,1}$ 是从给定的 $\boldsymbol{\theta}_2$ 到提案 θ_1 的一条完全确定的路径.

现推广这一方法在给定从当前模型 $m^{(t)}$ 移至 M^* 的提案移动下, 生成一个扩充后的候选参数向量 ($\boldsymbol{\theta}_M^*$ 和辅助向量 $\boldsymbol{U}^*$). 对于 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 和某辅助随机变量 $\boldsymbol{U}$ 我们可以应用不可逆确定函数 $\boldsymbol{q}_{t,*}$ 生成

$$(\boldsymbol{\theta}_{M^*}^*, \boldsymbol{U}^*) = \boldsymbol{q}_{t,*}(\boldsymbol{\theta}^{(t)}, \boldsymbol{U}), \tag{8.6}$$

其中 $\boldsymbol{U}$ 由提案密度 $h(\cdot|m^{(t)}, \boldsymbol{\theta}^{(t)}, m^*)$ 生成. 利用辅助变量 $\boldsymbol{U}^*$ 和 $\boldsymbol{U}$ 是为了在 t 时刻马氏链转移过程中保持 $\boldsymbol{q}_{t,*}$ 的维数, 之后辅助变量即被去除.

当 $p_{M^*} = p_{M^{(t)}}$ 时, (8.6) 中的方法可以允许使用常见的提案策略. 例如, 利用 $(\boldsymbol{\theta}_{M^*}^*, \boldsymbol{U}^*) = (\boldsymbol{\theta}^{(t)} + \boldsymbol{U}, \boldsymbol{U})$ 可获得随机游动, 其中维数为 $p_{M^{(t)}}$ 的 $\boldsymbol{U} \sim N(\boldsymbol{0}, \sigma^2 \boldsymbol{I})$. 另外, 当 $p_{\boldsymbol{U}} = p_{M^*}$ 时, 采用 $\boldsymbol{\theta}_{M^*}^* = \boldsymbol{q}_{t,*}(\boldsymbol{U})$ 可以构造 Metropolis-Hastings 链, 其中 $\boldsymbol{q}_{t,*}$ 的函数形式要恰当, 且 $\boldsymbol{U}$ 的取值要合适. 此时不需要 $\boldsymbol{U}^*$ 来使维数相等. 当 $p_{M^{(t)}} < p_{M^*}$ 时, $\boldsymbol{U}$ 可用来增加参数的维数; 是否需要 $\boldsymbol{U}^*$ 使维数相等, 取决于我们采用的方法. 当 $p_{M^{(t)}} > p_{M^*}$ 时则不需要 $\boldsymbol{U}$ 和 $\boldsymbol{U}^*$: 例如, 最简单的降维方法是将 $\boldsymbol{\theta}^{(t)}$ 的某些元素分给 $\boldsymbol{U}^*$ 并将剩余的分给 $\boldsymbol{\theta}_{M^*}^*$. 在所有这些例子中, 反方向的提案可以从 $\boldsymbol{q}_{t,*}$ 的逆中再次获得.

假设链当前正访问模型 $m^{(t)}$, 于是链处于状态 $\boldsymbol{x}^{(t)} = \left(m^{(t)}, \boldsymbol{\theta}_{m^{(t)}}^{(t)}\right)$. 则 RJMCMC 算法的下一次迭代概括如下.

(1) 从条件密度为 $g(\cdot|m^{(t)})$ 的提案密度中抽取一个候选模型 $M^*|m^{(t)}$. 候选模型要求参数 $\boldsymbol{\theta}_{M^*}$ 的维数为 p_{M^*}.

(2) 已知 $M^* = m^*$, 从密度为 $h\left(\cdot|m^{(t)}, \boldsymbol{\theta}_{m^{(t)}}^{(t)}, m^*\right)$ 的提案分布中生成扩充后的变量 $\boldsymbol{U}|\left(m^{(t)}, \boldsymbol{\theta}_{m^{(t)}}^{(t)}, m^*\right)$. 令

$$(\boldsymbol{\theta}_{m^*}^*, \boldsymbol{U}^*) = \boldsymbol{q}_{t,*}\left(\boldsymbol{\theta}_{m^{(t)}}^{(t)}, \boldsymbol{U}\right),$$

其中 $\boldsymbol{q}_{t,*}$ 为从 $\left(\boldsymbol{\theta}_{m^{(t)}}^{(t)}, \boldsymbol{U}\right)$ 到 $(\boldsymbol{\theta}_{M^*}^*, \boldsymbol{U}^*)$ 的可逆映射并且辅助变量的维数满足 $p_{m^{(t)}} + p_{\boldsymbol{U}} = p_{m^*} + p_{\boldsymbol{U}^*}$.

(3) 对于提案模型, $M^* = m^*$ 且相应提案参数值为 $\boldsymbol{\theta}^*_{m^*}$, 计算 Metropolis-Hastings 比率为

$$\frac{f(m^*, \boldsymbol{\theta}^*_{m^*}|\boldsymbol{y})g(m^{(t)}|m^*)h(\boldsymbol{u}^*|m^*, \boldsymbol{\theta}^*_{m^*}, m^{(t)})}{f(m^{(t)}, \boldsymbol{\theta}^{(t)}_{m^{(t)}}|\boldsymbol{Y})g(m^*|m^{(t)})h(\boldsymbol{u}|m^{(t)}, \boldsymbol{\theta}^{(t)}_{m^{(t)}}, m^*)}|\boldsymbol{J}(t)|, \tag{8.7}$$

其中

$$\boldsymbol{J}(t) = \left.\frac{\mathrm{d}\boldsymbol{q}_{t,*}(\boldsymbol{\theta}, \boldsymbol{u})}{\mathrm{d}(\boldsymbol{\theta}, \boldsymbol{u})}\right|_{(\boldsymbol{\theta},\boldsymbol{u})=\left(\boldsymbol{\theta}^{(t)}_{m^{(t)}}, \boldsymbol{U}\right)}. \tag{8.8}$$

以 1 和 (8.7) 式中的最小值为概率接受到模型 M^* 的移动. 如果接受提案, 则令 $\boldsymbol{X}^{(t+1)} = (M^*, \boldsymbol{\theta}^*_{M^*})$. 否则, 拒绝抽取候选值并令 $\boldsymbol{X}^{(t+1)} = \boldsymbol{x}^{(t)}$.

(4) 舍弃 $\boldsymbol{U}$ 和 $\boldsymbol{U}^*$, 回到第 1 步.

(8.7) 式中的最后一项是变量从 $\left(\boldsymbol{\theta}^{(t)}_{m^{(t)}}, \boldsymbol{U}\right)$ 到 $(\boldsymbol{\theta}^*_{m^*}, \boldsymbol{U}^*)$ 变换的 Jacobian 矩阵的行列式的绝对值. 如果 $p_{M^{(t)}} = p_{M^*}$, 则 (8.7) 式就简化为 (7.1) 式中标准的 Metropolis-Hastings 比率. 注意这里有一个隐含的假设, 即变换 $\boldsymbol{q}_{t,*}$ 是可导的.

例 8.3 (两个简单峰之间的跳跃)　对上面给出的算法我们可用一个基本的例子作为说明 [243, 460]. 考虑一个有 $K = 2$ 个可能的模型的问题：模型 $\mathcal{M}_1$ 有一个一维参数空间 $\boldsymbol{\theta}_1 = \alpha$ 且模型 $\mathcal{M}_2$ 有一个二维参数空间 $\boldsymbol{\theta}_2 = (\beta, \gamma)$. 于是 $p_1 = 1$ 且 $p_2 = 2$. 令 $m_1 = 1$, $m_2 = 2$.

如果链的当前状态为 $(1, \boldsymbol{\theta}_1)$ 且提案模型为 $\mathcal{M}_2$, 则由提案密度 h 生成一个随机变量 $U \sim h(u|1, \theta_1, 2)$. 令 $\beta = \alpha - U$ 以及 $\gamma = \alpha + U$, 于是 $\boldsymbol{q}_{1,2}(\alpha, u) = (\alpha - u, \alpha + u)$ 并且 $\left|\frac{\mathrm{d}\boldsymbol{q}_{1,2}(\alpha,u)}{\mathrm{d}(\alpha,u)}\right| = 2$.

如果链在当前值 $(2, \boldsymbol{\theta}_2)$ 且提案模型为 $\mathcal{M}_1$, 则 $(\alpha, u) = \boldsymbol{q}_{2,1}(\beta, \gamma) = \left(\frac{\beta+\gamma}{2}, \frac{\beta-\gamma}{2}\right)$ 为可逆映射. 因此 $\left|\frac{\mathrm{d}\boldsymbol{q}_{2,1}(\beta,\gamma)}{\mathrm{d}(\beta,\gamma)}\right| = \frac{1}{2}$ 并且不需 $\boldsymbol{U}^*$ 匹配维数. 这种变换完全是确定的, 因此我们用 1 代替 (8.7) 式的 $h(u^*|2, \theta_2, 1)$.

于是对于从 $\mathcal{M}_1$ 到 $\mathcal{M}_2$ 的提案移动, Metropolis-Hastings 比率 (8.7) 等于

$$\frac{f(2, \beta, \gamma|\boldsymbol{Y})g(1|2)}{f(1, \alpha|\boldsymbol{Y})g(2|1)h(u|1, \theta_1, 2)} \times 2. \tag{8.9}$$

对于从 $\mathcal{M}_2$ 到 $\mathcal{M}_1$ 的提案移动, Metropolis-Hastings 比率等于 (8.9) 式的倒数. □

实施 RJMCMC 存在几个重要的问题. 由于维数可能很大, 关键是要选择一个适当的提案分布 h 以及在维数不同的模型空间中构造有效地移动. 另外一个问题是对于 RJMCMC 算法收敛性的诊断. 这方面的研究在 [66, 67, 68] 中给出.

RJMCMC 是一种非常一般的方法, 且可逆跳跃方法在各种应用中都得到了发展, 包括模型选择, 线性回归中的参数估计 [128], 广义线性模型中变量和连接函数

的选择 [416], 混合分布中混合成分个数的选择 [68, 453, 481], 非参数回归中节点的选择和其他应用 [42, 141, 292] 以及图像模型确定 [127, 218]. 还有许多其他方面应用 RJMCMC. 其中一个热点问题是遗传定位 [104, 547, 550].

RJMCMC 统一了用于比较具有不同参数个数模型的早期的 MCMC 方法. 例如, Bayes 模型选择和线性回归分析中模型平均的早期方法, 如随机搜索变量选择 [200] 和 MCMC 模型复合 [445], 这些都可看作是 RJMCMC 的特殊例子 [101].

RJMCMC 选择回归变量

考虑一个多重线性回归问题, 其中有 p 个潜在预测变量和一个截距项. 回归中的一个基本问题是选择一个合适的模型. 令 m_k 为第 k 个模型, 由第 i_1 个到第 i_d 个预测变量定义, 指标 $\{i_1, \cdots, i_d\}$ 是 $\{1, \cdots, p\}$ 的子集. 我们要考虑 p 个预测变量的所有子集, 因此有 $K = 2^p$ 个模型. 这里用一般的回归记号, 令 Y 为 n 个独立响应的向量. 对任意模型 m_k, 在设计矩阵中安排相应的预测变量 $\boldsymbol{X}_{m_k} = (\boldsymbol{1}\ \boldsymbol{x}_{i_1} \cdots \boldsymbol{x}_{i_d})$, 其中 $\boldsymbol{x}_{i_j}$ 是第 i_j 个预测变量的 n 维观测向量. 假设预测数据给定. 对所有的 m_k, 我们寻找一般最小二乘模型为

$$\boldsymbol{Y} = \boldsymbol{X}_{m_k} \boldsymbol{\beta}_{m_k} + \boldsymbol{\epsilon}, \tag{8.10}$$

其中 $\boldsymbol{\beta}_{m_k}$ 是对应 m_k 设计矩阵的一个参数向量且误差方差为 σ^2. 在本节的剩余部分中, 都以假设预测数据给定为条件.

所谓好模型的概念有几种含义. 在例 3.2 中, 我们用 AIC (Akaike information criterion) 准则选择最好的模型 [7, 75]. 此处, 我们利用 Bayes 的方法作变量选择, 其中采用回归系数和 σ^2 的先验分布以及依赖于 σ^2 的系数的先验分布. 这种做法的最直接目的是选择预测变量的最有可能的子集, 而同时还可说明如何用一个 RJMCMC 算法的输出结果估计我们感兴趣的量, 诸如后验模型概率、每个模型参数的后验分布以及各种感兴趣的量的模型平均估计.

根据 [101, 445] 实施 RJMCMC 算法, 每次迭代开始于模型 $m^{(t)}$, 其中 $m^{(t)}$ 由预测变量的特定子集表示. 为推进一次迭代, 提案模型要求比当前模型多一个或者少一个预测变量. 因此模型提案分布为 $g\left(\cdot|m^{(t)}\right)$, 其中

$$g\left(m^*|m^{(t)}\right) = \begin{cases} \dfrac{1}{p}, & \text{如果 } M^* \text{ 比 } m^{(t)} \text{ 多一个或者少一个预测变量}, \\ 0, & \text{否则}. \end{cases}$$

给定一个提案模型 $M^* = m^*$, RJMCMC 算法的第 2 步需要我们抽取 $\boldsymbol{U}| \left(m^{(t)}, \beta^{(t)}_{m^{(t)}}, m^*\right) \sim h\left(\cdot|m^{(t)}, \boldsymbol{\beta}^{(t)}_{m^{(t)}}, m^*\right)$. 一种简化的算法是令 $\boldsymbol{U}$ 为参数向量的下一个值, 此时我们可以令提案分布 h 等于 $\boldsymbol{\beta}_m|(m, \boldsymbol{y})$ 的后验分布, 即 $f\left(\boldsymbol{\beta}_m|m, \boldsymbol{y}\right)$.

对于适合的共轭先验, $\boldsymbol{\beta}_{m^*}^*|(m^*,\boldsymbol{y})$ 服从非中心化的 t 分布 [52]. 我们从提案分布中抽取 $\boldsymbol{U}$ 并令 $\boldsymbol{\beta}_{m^*}^*=\boldsymbol{U}$, $\boldsymbol{U}^*=\boldsymbol{\beta}_{m^{(t)}}^{(t)}$. 因此 $\boldsymbol{q}_{t,*}=\left(\boldsymbol{\beta}_{m^{(t)}}^{(t)},\boldsymbol{U}\right)=(\boldsymbol{\beta}_{m^*}^*,\boldsymbol{U}^*)$, Jacobi 行列式为 1. 由于 $g\left(m^{(t)}|m^*\right)=g\left(m^*|m^{(t)}\right)=1/p$, (8.7) 式中的比率经化简后可写为

$$\frac{f\left(\boldsymbol{y}|m^*,\boldsymbol{\beta}_{m^*}^*\right)f\left(\boldsymbol{\beta}_{m^*}^*|m^*\right)f\left(m^*\right)f\left(\boldsymbol{\beta}_{m^{(t)}}^{(t)}|m^{(t)},\boldsymbol{y}\right)}{f\left(\boldsymbol{y}|m^{(t)},\boldsymbol{\beta}_{m^{(t)}}^{(t)}\right)f\left(\boldsymbol{\beta}_{m^{(t)}}^{(t)}|m^{(t)}\right)f\left(m^{(t)}\right)f\left(\boldsymbol{\beta}_{m^*}^*|m^*,\boldsymbol{y}\right)}=\frac{f\left(\boldsymbol{y}|m^*\right)f\left(m^*\right)}{f\left(\boldsymbol{y}|m^{(t)}\right)f\left(m^{(t)}\right)},\tag{8.11}$$

这里 $f\left(\boldsymbol{y}|m^*\right)$ 为边际似然函数, $f\left(m^*\right)$ 为模型 m^* 的后验密度. 通过观察可知这一比率不依赖于 $\boldsymbol{\beta}_{m^*}^*$ 或 $\boldsymbol{\beta}_{m^{(t)}}$. 因此, 当利用共轭先验实施此方法时, 我们可将 $\boldsymbol{\beta}$ 的提案和接受值看作是单纯概念上的构造, 这只是为了在 RJMCMC 方法中说明其算法. 换言之, 不需要去模拟 $\boldsymbol{\beta}^{(t)}|m^{(t)}$, 因为我们可以得到 $f(\boldsymbol{\beta}|m,\boldsymbol{y})$ 的显式表达式. 后验模型概率和 $f(\boldsymbol{\beta}|m,\boldsymbol{y})$ 可以完全确定联合后验分布.

实施 RJMCMC 算法后, 很多我们感兴趣的量都可进行推断. 例如, 由 (8.5) 式后验模型概率 $f(m_k|\boldsymbol{y})$ 可通过链访问第 k 个模型的次数与链迭代的次数之比近似. 这些可估的后验模型概率可用于选择模型. 此外, RJMCMC 算法的输出结果还可用于实现 Bayes 模型平均. 例如, 如果 μ 是某个我们感兴趣的量, 如预测值、行为过程的作用或是一个效应的大小, 则在给定数据的条件下, μ 的后验分布为

$$f(\mu|\boldsymbol{y})=\sum_{k=1}^{K}f(\mu|m_k,\boldsymbol{y})f(m_k|\boldsymbol{y}).\tag{8.12}$$

这就是对每个模型 μ 的后验分布的平均, 其加权为后验模型概率. 我们已证明考虑模型形式的不确定性可避免低估不确定性 [289].

例 8.4 (棒球薪水, 续)　回顾例 3.3, 在棒球运动员薪水的线性回归模型中, 我们在 27 个可能的预测变量中寻找最佳子集. 之前的目标是计算最小 AIC 值寻找最佳子集. 这里, 我们通过具有最高后验模型概率的模型寻找最佳子集.

我们在模型空间中采用均匀先验分布, 对每一个模型令 $f(m_k)=2^{-p}$. 对于其他参数, 我们采用正态 - 伽玛共扼类先验分布其中 $\boldsymbol{\beta}_{m_k}|m_k\sim N\left(\boldsymbol{\alpha}_{m_k},\sigma^2\boldsymbol{V}_{m_k}\right)$ 且 $\nu\lambda/\sigma^2\sim\chi_\nu^2$. 在这种构造下, (8.11) 中的 $f(\boldsymbol{y}|m_k)$ 可被证明为非中心 t 密度 (问题 8.1). 对于棒球数据, 其超参数设定如下. 首先, 令 $\nu=2.58$ 和 $\lambda=0.28$. 接下来, $\alpha_{m_k}=(\hat{\beta}_0,0,\cdots,0)$ 是长为 p_{m_k} 的向量, 其中第一个元素等于全模型的截距的最小二乘估计. 最后, $\boldsymbol{V}_{m_k}$ 为对角矩阵, 对角元素为 $(s_{\boldsymbol{y}}^2,c^2/s_1^2,\cdots,c^2/s_p^2)$, 其中 $s_{\boldsymbol{y}}^2$ 为 $\boldsymbol{y}$ 的样本方差, s_i^2 为第 i 个预测变量的样本方差, 并且 $c=2.58$. 其他细节在 [445] 中给出.

我们运行 200 000 次迭代. 表 8.1 给出了概率最大的后验模型中的 5 个. 如果

目的是选择最好的模型, 则应选择预测变量为 3, 8, 10, 13 和 14 的模型, 这些标号对应的预测变量在表 3.2 中给出.

表 8.1 关于棒球例子的 RJMCMC 模型选择结果: 后验模型概率 (PMP) 最高的 5 个模型. 黑色的圆点表示在给定的模型中相应的预测变量, 标号对应的预测变量在表 3.2 中给出

预测变量							
3	4	8	10	13	14	24	PMP
•		•	•	•	•		0.22
	•	•	•	•	•		0.08
	•	•		•	•		0.05
•	•	•	•	•	•		0.04
•		•	•	•	•	•	0.03

表 8.2 中给出后验效应概率 $P(\beta_i \neq 0|\boldsymbol{y})$ 大于 0.10 的预测变量. 每个元素都是示性变量的加权平均, 其中只有当系数在模型中时, 示性变量等于 1, 其中加权对应 (8.12) 式中的后验模型概率. 结果表明, 自由球员、仲裁地位以及跑进垒的次数很大程度上决定垒球运动员的薪金.

表 8.2 棒球例子中的 RJMCMC 结果: 大于 0.01 的估计的后验效应概率 $P(\beta_i \neq 0|\boldsymbol{y})$. 标号对应的预测变量在表 3.2 中给出

标号	预测变量	$P(\beta_i \neq 0\|\boldsymbol{y})$
13	自由队员	1.00
14	仲裁	1.00
8	击球跑垒得分	0.97
10	三击未中出局	0.78
3	跑垒数	0.55
4	安打数	0.52
25	SBs×OBP	0.13
24	SOs× 失误	0.12
9	跑垒数	0.11

通过变换 (8.12) 式还可计算我们感兴趣的其他量, 如每个回归系数的模型平均后验期望和方差, 或者各种后验薪金的预测. □

还有一些其他的方法模拟维数不等的马氏链. Stephens 根据连续时间的马尔可夫生灭过程提出一种很有希望的方法 [517]. 该方法通过点过程对参数建模. Green 的 RJMCMC 和 Stephens 的生灭过程之间的联系在 [78] 中提及. 有一个 RJMCMC 算法的一般形式可将许多现存的评估参数空间维数不确定性的方法统一起来 [230]. 这些问题将很有可能被持续关注并得到快速的发展.

8.3　完美抽样

由于 MCMC 方法在第 t 次迭代时产生一个随机抽样 $\boldsymbol{X}^{(t)}$ 当 $t \to \infty$ 时其分布近似于目标分布 f, 因此 MCMC 方法十分有用. 因为实际中运行长度有限, 在近似非常好的情况下第 7 章关于评价方法给出了很多讨论. 例如, 7.3 节给出了确定运行长度和去除的迭代次数 (即预烧) 的方法. 然而, 这些收敛性的诊断都有各种各样的缺点. *完美抽样* 算法通过生成有确切平稳分布的链解决了所有问题. 这看上去效果相当不错, 但在实现上却有一定的困难.

历史数据配对法

Propp 和 Wilson 给出了一种完美抽样 MCMC 算法, 称为*历史数据配对法* (CFTP) [438]. 在 [81, 144, 437] 中包含着其他关于 CFTP 的研究. 在 Wilson 的网站上可找到关于 CFTP 的大量早期文献和相关方法 [568].

CFTP 方法源于一种说法, 即链的起始点为 $t = -\infty$ 并向 $t = 0$ 运行. 当这种说法成立时, 收敛不会在从 $t = -1$ 到 $t = 0$ 的步骤中突然发生, 在计算时你不需要设法令 $t = -\infty$. 相反, 我们要寻找一个从 $t = \tau < 0$ 到 $t = 0$ 的时间窗, 使其与 τ 以前的状态无关, 且在 τ 之前的链的无限长的过程意味着链在 0 时刻达到平稳分布.

这种方法在外部看起来是合理的, 而实际中不可能知道链在 τ 时刻位于什么状态. 因此, 我们必须考虑多重链: 事实上, 一条链在 τ 时刻可以在每一个可能的状态开始. 每条链可以从 $t = \tau$ 向 $t = 0$ 运行. 由这些链的马尔可夫性质, 链在 $\tau+1$ 时刻的结果仅依赖于它们在 τ 时刻的状态. 所以这些链的集合完全代表了所有可能从过去无穷远运行来的链.

接下来的问题是我们现在不再仅考虑单一一条链, 而且在 0 时刻开始的链似乎有所不同. 我们依靠*配对* 的想法解决这一多重性问题. 如果在相同状态空间有相同转移概率的两条链在 t 时刻有相同的状态, 则两条链在 t 时刻配对 (或者接合). 在这一时刻, 由马尔可夫性质和相等的转移概率, 两条链有相同的概率性质. 第三条这样的链可以在 t 时刻或者以后的任意时刻和这两条链配对. 这样, 为消除上述引入的多重链, 我们使用的算法要保证一旦将链配对, 他们要得到相同的样本链. 进一步地, 要求所有链到 0 时刻必须配对. 因此这种算法产生的一条链从 0 时刻开始均服从我们希望的平稳分布.

为简化表示, 假设 X 为一维且有 k 个有限状态空间. 下面给出对 CFTP 方法的最一般和必要的假设.

考虑一个遍历马氏链, 它有确定的转移法则 q 来更新马氏链的当前值 $x^{(t)}$, 而

$x^{(t)}$ 是某些随机变量 $U^{(t+1)}$ 的函数. 因此,

$$X^{(t+1)} = q\left(x^{(t)}, U^{(t+1)}\right). \tag{8.13}$$

例如, 来自一个 Metropolis-Hastings 提案的累积分布函数 F 可以用 $q(x,u)=F^{-1}(u)$ 生成, 而一个随机游动提案可以由 $q(x,u)=x+u$ 生成. 在 (8.13) 中, 我们使用一个一元变量 $U^{(t+1)}$, 但更一般地, 链的转移可由多元向量 $\boldsymbol{U}^{(t+1)}$ 所控制. 今后我们将采用一般的形式.

CFTP 在状态空间的某一时刻 $\tau<0$ 从每个状态开始一条链并且每条链向由 q 产生的提案值移动. 利用标准 Metropolis-Hastings 比率接受提案. 我们的目标是寻找一个起始时刻 τ 使得当从 $t=\tau$ 按步骤运行时, 链在 $t=0$ 时刻全部配对. 这种方法从我们希望得到的平稳分布 f 中抽出一个 $X^{(0)}$.

下面给出寻找 τ 和得到我们希望的链的算法. 令 $X_k^{(t)}$ 为起始于状态 k 的马氏链在 t 时刻的随机状态, 其中 $k=1,\cdots,K$.

(1) 令 $\tau=-1$. 生成 $\boldsymbol{U}^{(0)}$. 在 -1 时刻状态空间的每一个状态下开始一条链, 即 $x_1^{(-1)},\cdots,x_K^{(-1)}$, 并且每条链向 0 时刻运行, 其更新值为 $X_K^{(0)}=q\left(x_k^{(-1)},\boldsymbol{U}^{(0)}\right)$, $k=1,\cdots,K$. 如果所有 K 条链在 0 时刻有相同的状态, 则链完成配对且 $X^{(0)}$ 抽取自 f; 算法停止.

(2) 如果链没有配对, 则令 $\tau=-2$. 生成 $\boldsymbol{U}^{(-1)}$. 在 -2 时刻状态空间的每一个状态下开始一条链, 并且每条链向 0 时刻运行. 为此, 令 $X_K^{(-1)}=q\left(x_k^{(-2)},\boldsymbol{U}^{(-1)}\right)$. 接下来, 重新使用在第 1 步中生成的 $\boldsymbol{U}^{(0)}$, 有 $X_K^{(0)}=q\left(x_k^{(0)},\boldsymbol{U}^{(0)}\right)$. 如果所有 K 条链在 0 时刻有相同的状态, 则链完成配对且 $X^{(0)}$ 抽取自 f; 算法停止.

(3) 如果链没有配对, 将起始时刻向后移至时刻 $\tau=-3$ 并且更新如上. 我们继续将链的起始时刻后移一步并且向 0 时刻运行, 直到 τ 时刻开始链时, 到 $t=0$ 时刻所有 K 条链都完成配对. 此时算法停止. 在每次尝试下, 随机更新变量必须要重复使用. 特别地, 当在 τ 时刻开始链时, 要再次使用之前抽取的随机数更新 $\boldsymbol{U}^{(\tau+1)},\boldsymbol{U}^{(\tau+2)},\cdots,\boldsymbol{U}^{(0)}$. 还要注意的是在第 t 次迭代时更新所有 K 条链使用的是相同的 $\boldsymbol{U}^{(t)}$.

Propp 和 Wilson 指出对于适合的 q, CFTP 算法返回的 $X^{(0)}$ 值是马氏链的平稳分布的随机变量的实现, 并且配对值将在有限的时间内产生 [438]. 即使在 0 时刻前所有链都配成对, 也必须用 $X^{(0)}$ 作为完美抽样, 否则会产生抽样的偏差.

从 f 中获得完美抽样 $X^{(0)}$ 对于大部分应用而言还是不够的. 通常我们想要来自 f 的 n 个独立同分布的样本作模拟或者用于某些期望的 Monte Carlo 估计, $\mu=\int h(x)f(x)\mathrm{d}x$. 一个来自 f 的完美独立同分布的样本可以通过运行 n 次 CFTP

算法对 $X^{(0)}$ 生成 n 个独立的值来获得. 如果只想确定算法抽样取自 f, 而不要求独立性, 则可以运行 CFTP 一次并且从 $t=0$ 时刻的状态出发继续运行此链. 第一种选择可能更可取, 而第二种在实际中却可能更合理, 特别是对于在完成配对前, CFTP 算法需要很多次迭代的情况. 对于使用完美抽样算法我们只有两种最简单的方法, 见 [404] 及 [568] 中的参考文献.

例 8.5 (在小状态空间中的样本路径) 用图 8.3 表示本例的三个可能状态 s_1, s_2, s_3. 在迭代 1 中, 在 $\tau=-1$ 时刻从三个状态出发. 选择一个随机更新 $U^{(0)}$, 并且 $X_k^{(0)}=q\left(s_k, U^{(0)}\right)$, $k=1,2,3$. 在 $t=0$ 时刻路径没有完全配对, 于是算法进行迭代 2. 在迭代 2 中, 算法在 $\tau=-2$ 时刻开始. 从 $t=-2$ 到 $t=-1$ 步的转移法则基于一个更新抽样变量 $U^{(-1)}$. 而从 $t=-1$ 到 $t=0$ 步的转移法则要依靠之前在迭代 1 中获得的 $U^{(0)}$. $t=0$ 时刻路径没有完全配对, 于是算法进行迭代 3. 在这里, 要再次使用之前抽取的 $U^{(0)}$ 和 $U^{(-1)}$ 并且选出新的 $U^{(-2)}$. 在迭代 3 中, 在 $t=0$ 时刻, 所有三条样本路径到达状态 s_2, 因此路径完成配对, 同时 $X^{(0)}=s_2$ 为平稳分布 f 的抽样. □

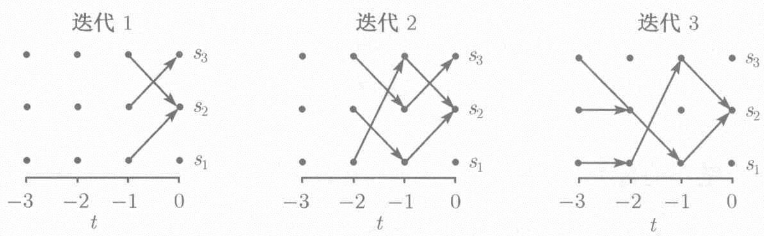


图 8.3 完美抽样的抽样路径示例. 见例 8.5 中的详细描述

几个 CFTP 优化的细节实现了前面提到的优点. 首先, 注意到 CFTP 需要再次用到之前生成的变量 $\boldsymbol{U}^{(t)}$, 并且在 t 时刻共同使用相同的 $\boldsymbol{U}^{(t)}$ 的实现来更新所有的链. 如果 $\boldsymbol{U}^{(t)}$ 没有被再次使用, 样本将是有偏的. Propp 和 Wilson 用实例说明在每一时刻重新生成 $\boldsymbol{U}^{(t)}$ 会使链偏向有序状态空间中的极端状态 [438]. 对历史 $\boldsymbol{U}^{(t)}$ 的再利用和共享使得在任何 $\tau' \leqslant \tau$ 时刻开始的所有链到 $t=0$ 时刻都可以配成对, 其中 τ 是由 CFTP 选择的起始时刻. 并且这种做法使得在给定的运行下, 所用这些链的 0 时刻的配对状态都相同, 这就可以证明 CFTP 生成了一个来自 f 的确切分布.

其次, CFTP 导致了 τ 和 $X^{(0)}$ 之间的相关性. 因此, 如果在确定配对时刻之前提前终止一次 CFTP 运行, 则可能导致有偏. 假设一个 CFTP 算法运行了很长的时间, 其间没有发生配对. 如果计算机故障或者缺乏耐心的使用者终止并重新开始算法寻找配对时间, 则一般会使得抽样偏向那些较早出现配对的状态. 为避免这一问题, [169] 设计了一种可供选择的完美抽样方法, 称为 Fill 算法.

再次, 我们在 CFTP 算法的描述中对于连续 CFTP 迭代用到了一列起始时

间 $\tau=-1,-2,\cdots$. 在很多问题中这是有效的. 然而使用序列 $\tau=-1,-2,-4,-8,-16,\cdots$ 可能更有效, 因为这样做可以最小化所需的模拟中表现最差的步骤的数量, 并且近似最小化所需步骤的期望数量 [438].

最后, 如果链从 $t=0$ 时刻向前运行代替向后运行, 则配对策略似乎仍然适用; 而实际情况并非如此. 要理解原因, 需考虑一条马氏链在某一状态 x' 有唯一的前身. x' 不可能出现在首次配对的随机时刻. 如果 x' 出现, 则链一定在早些时候已经配对, 因为所有的链一定到过先前的状态. 因此在首次配对时刻链的边缘分布中 x' 的概率为 0, 并且因此不能成为平稳分布. 虽然这种向前配对的方法行不通, 但对于只按时间向前运行的马氏链 [567], 仍有一种巧妙的方法改变 CFTP 的构造而生成一个完美抽样算法 [567].

随机单调性和夹层法

当状态空间很大或是无限状态 (如, 连续的) 空间的一条链应用 CFTP 时, 监控从状态空间的所有可能元素出发的样本路径在 0 时刻是否配对有一定的困难. 然而, 如果状态空间依照某种方法排序使得确定的转移法则 q 保持状态空间的序, 那么样本路径只能开始于最小状态并且只需要监控排序中的最大状态.

令 $\boldsymbol{x},\boldsymbol{y}\in S$ 为一条马氏链的任意两个可能的状态, 其中 S 可能是一个很大的状态空间. 正式地, 称 S 为自然按分量方式偏序, 如果 $x_i\leqslant y_i,\ \ i=1,\cdots,n$, 则 $\boldsymbol{x}\leqslant\boldsymbol{y}$, 并且 $\boldsymbol{x},\boldsymbol{y}\in S$. 当 $\boldsymbol{x}\leqslant\boldsymbol{y}$ 时, 如果对所有 $\boldsymbol{U}$ 有 $q(\boldsymbol{x},\boldsymbol{u})\leqslant q(\boldsymbol{y},\boldsymbol{u})$, 则对于此偏序, 转移法则 q 是单调的. 现在, 如果存在状态空间 S 的最小和最大元素, 对所有的 $\boldsymbol{x}\in S$ 有 $\boldsymbol{x}_{\min}\leqslant\boldsymbol{x}\leqslant\boldsymbol{x}_{\max}$ 并且转移法则 q 是单调的, 则使用法则 q 的 MCMC 过程在每个时刻都保持状态的序. 因此, 使用单调转移法则的 CFTP 只要模拟两条链就可以实现: 一条起始于 $\boldsymbol{x}_{\min}$, 另一条起始于 $\boldsymbol{x}_{\max}$. 起始于其他状态的链的样本路径被夹在起始于最小和最大的状态的路径之间. 当起始于最小和最大的状态的路径在 0 时刻配对时, 就可以保证所有其他中间的链配成对. 因此, 在 $t=0$ 时刻, CFTP 抽样取自平稳分布. 很多问题都满足这些单调性质, 其中一例在 8.4.3 节中给出.

针对有些问题中没有这种单调性的形式, 相应出现了一些其他相关的方法 [399, 403, 567]. 大量的工作集中在研究方法将完美抽样应用到特殊问题中, 如完美 Metropolis-Hastings 独立链 [105], 完美切片抽样 [397], 和 Bayes 模型选择的完美抽样算法 [295, 486].

完美抽样法是目前非常活跃的领域, 此处提到的很多想法已经展开了进一步的深入研究. 被认为大有潜力的完美算法仍没有被广泛应用于容量较实际的问题. 不过, 完美抽样算法极具吸引力的性质以及在此领域的不断研究将很有可能激发新的解决实际问题的 MCMC 算法.

8.4　例: 马尔可夫随机域上的 MCMC 算法

本节介绍马尔可夫随机域模型的 Bayes 分析, 着重对空间或者图像数据进行分析. 此课题对本章中讨论的很多方法给出了有趣的例子.

一个**马尔可夫随机域**对于参考的空间随机变量指定了概率分布. 马尔可夫随机域相当广泛并且可用于很多格子型结构, 如正规的长方形, 六角形和不正规的网格结构 [110, 539]. 还有很多用马尔可夫随机域建构的复杂问题, 我们在此不作研究. Besag 关于空间统计量和图像分析中的马尔可夫随机域发表了大量关键的论文, 包括他经典的 1974 年的文章 [29, 30, 34, 35, 36, 37]. 此外关于马尔可夫随机域的全面介绍在 [110, 329, 353, 569] 中给出.

为简单起见, 我们这里主要考虑马尔可夫随机域在正规长方形格子中的应用. 例如, 我们可在一幅地图上或者图像上覆盖一个长方形格子并且标注格子中的每一个像素或单元. 格子中第 i 个像素的值记为 x_i, $i=1,\cdots,n$, 其中 n 是有限的. 我们关注二元随机域, 其中 x_i 只能取 0 和 1 两个值, $i=1,\cdots,n$. 我们可以直接推广这种方法到 x_i 是连续的或者可以取两个以上离散值的情况 [110].

令 x_{δ_i} 为在像素 i 附近像素的 x 值的集合. 定义为 δ_i 的像素称为像素 i 的**邻域**. 像素 x_i 不在 δ_i 中. 一个正确的邻域定义需要满足的条件是如果像素 i 为像素 j 的邻点, 则像素 j 为像素 i 的邻点. 在长方形的格子中, 一阶邻域为我们感兴趣的像素附近垂直方向和水平方向的像素集合 (见图 8.4). 二阶邻域还包括像素附近对角线方向的像素.

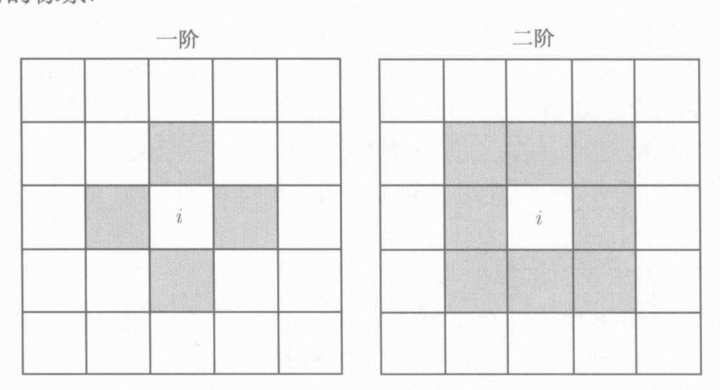


图 8.4　画阴影的像素表示长方形格子中的一阶和二阶像素

假设第 i 个像素的值 x_i 是随机变量 X_i 的实现. 一个**局部依赖的马尔可夫随机域**规定在给定其他像素 $\boldsymbol{X}_{-i}$ 的条件下的 $\boldsymbol{X}_i$ 的分布仅依赖于相邻像素. 因此, 对于 $\boldsymbol{X}_{-i}=\boldsymbol{x}_{-i}$,

$$f\left(x_i|\boldsymbol{x}_{-i}\right)=f\left(x_i|\boldsymbol{x}_{\delta_i}\right), \tag{8.14}$$

$i = 1, \cdots, n$. 假设每个像素在等于 0 或 1 时有非零概率, 这就意味着满足所谓的**正条件**： $\boldsymbol{X}$ 的最小状态空间等于其成分的状态空间的笛卡尔乘积. 正条件可以使得本节中后面考虑的条件分布有定义.

Hammersley-Clifford 定理证明 (8.14) 中的条件分布可以一起指定 $\boldsymbol{X}$ 的联合分布到达一个规范化的常数 [29]. 在我们的离散二元状态空间中, 这个规范化常数为 $f(\boldsymbol{x})$ 取遍状态空间所有 $\boldsymbol{x}$ 的和. 由于其中的项数目很多, 故该和一般不能通过直接计算得到. 即使对于不现实的包含 40×40 像素的小图像, 在和式中仍有 $2^{1\,600} = 4.4 \times 10^{481}$ 个项, 其中像素取两个值. 尽管有上述困难, Bayes MCMC 方法还是对于图像推断提供了一个 Monte Carlo 基础. 下面给出对于马尔可夫随机域模型进行 MCMC 分析的几种方法.

8.4.1 马尔可夫随机域的 Gibbs 抽样

首先, 通过采用一个 Bayes 模型分析一个二元马尔可夫随机域. 在前面对马尔可夫随机域的介绍中, 我们使用 x_i 定义第 i 个像素的值. 此处令 X_i 为第 i 个像素的未知的真实值, 其中 X_i 可以作为 Bayes 范式中的一个随机变量. 令 y_i 为第 i 个像素的观测值. 因此 $\boldsymbol{X}$ 是一个参数向量, $\boldsymbol{y}$ 是数据. 在图像分析的应用中, $\boldsymbol{y}$ 为退化的图像而 $\boldsymbol{X}$ 为未知的真实图像. 在植物或者动物种群分布的图形中应用空间统计, $y_i = 0$ 可以表明抽样过程中在像素 i 的位置没有观测到种群并且 X_i 可以表示在像素 i 的位置上种群出现或未出现的真实的情况 (并无观测).

有三个假设是表述这种模型的基础. 首先, 假设在给定真实像素值的条件下观测是相互独立的. 因此当 $\boldsymbol{X} = \boldsymbol{x}$ 时, $\boldsymbol{Y}$ 的联合条件密度为

$$f(y_1, \cdots, y_n | x_1, \cdots, x_n) = \prod_{i=1}^{n} f(y_i | x_i), \tag{8.15}$$

其中 $f(y_i|x_i)$ 是给定真实值条件下, 像素 i 中观测数据的密度. 于是, 作为 $\boldsymbol{x}$ 的函数的 (8.15) 式为似然函数. 其次, 我们采用一个局部依赖马尔可夫随机域 (8.14) 式对真实图像建模. 最后, 我们按照前面的定义, 假设正条件.

模型中的参数为 $x_1, \cdots, x_n$, 并且分析的目的是要估计这些真实值. 为此我们采用一种 Gibbs 抽样方法. 假设参数的先验分布 $\boldsymbol{X} \sim f(\boldsymbol{x})$. 而 Gibbs 抽样的目标是为了从 $\boldsymbol{X}$ 的后验密度中获得样本,

$$f(\boldsymbol{x}|\boldsymbol{y}) \propto f(\boldsymbol{y}|\boldsymbol{x}) f(\boldsymbol{x}). \tag{8.16}$$

$\boldsymbol{X}$ 的一类后验分布为

$$f(\boldsymbol{x}) \propto \exp\left\{\sum_{i\sim j}^{n} \phi(x_i - x_j)\right\}, \tag{8.17}$$

其中 $i \sim j$ 表示像素 i 为像素 j 的邻点的所有对, ϕ 是某个关于 0 对称的函数, 并且 $\phi(\boldsymbol{z})$ 随 $|\boldsymbol{z}|$ 增大而增大. (8.17) 式称为*成对差先验*. 基于成对交互作用采用这种先验可简化计算, 但这样做可能并不现实. 推广到较高序交互作用的这种方法在 [539] 中给出.

Gibbs 抽样需要从前面 (8.14)—(8.16) 式中得到的一元条件分布的导数. 因此, 第 t 次迭代的 Gibbs 抽样更新为

$$X_i^{(t+1)} \Big| \left(\boldsymbol{x}_{-i}^{(t)}, \boldsymbol{y}\right) \sim f\left(x_i | \boldsymbol{x}_{-i}^{(t)}, \boldsymbol{y}\right). \tag{8.18}$$

一种常见方法是依次更新每个 $\boldsymbol{X}_i$, 然而在独立的区组中更新像素在计算上会更有效率. 而区组由对特定问题定义的邻域决定 [34]. 另一种对马尔可夫随机域模型更新区组的方法在 [333, 474] 中给出.

例 8.6 (犹他花楸树分布图) 生态学中一个重要问题是在一个自然地区标出物种分布 [251, 495]. 这种分布图有很多用途, 范围从最小化人类发展对稀有物种影响的局部土地使用规划, 到对世界范围的气候建立模型等. 这里我们考虑一种生长在科罗拉多州被称为犹他花楸树 (Amelanchier utahensis) 的落叶灌木 [355].

我们仅考虑科罗拉多州最西部的区域 (大约在西经 104°), 该区域包含落基山在内. 我们将出现 — 未出现的信息分成近似 8 公里乘 8 公里的像素. 这一网格由 46×54 个像素的格子构成. 已知像素总数为 $n = 2\,484$. 图 8.5 中左图表示观测出现和未出现, 其中黑色像素表示我们在这一位置观测到物种.

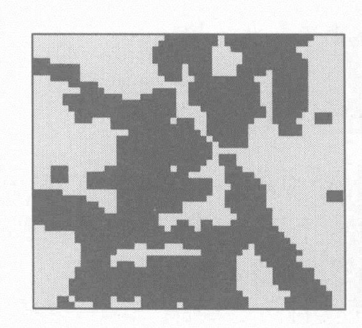
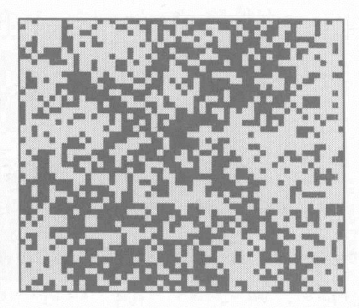



图 8.5 犹他花楸树在科罗拉多州西部的分布. 左图是物种的真实分布图, 右图是例 8.6 中观测的物种的分布. 黑色像素表示出现

一般在应用这种模型时往往无法获得真实图像. 然而已知真实图像可以使我们能够对下面将要给出的二元空间数据模型展开多方面的研究. 因此, 为了说明, 我们采用这些出现 — 未出现的成对数据作为真实图像并考虑从图像退化的形式估计真实图像. 一个退化图像在图 8.5 的右图中给出. 我们利用这个退化图像寻找图形重建物种的真实分布, 其中退化图像可看作是观测数据 $\boldsymbol{y}$. 观测数据通过随机选择

30% 的像素并且交换其颜色生成. 卫星图像可能产生误差并且在物种制图中还有一些其他可能产生的误差.

令 $x_i = 1$ 表示在像素 i 的位置上此物种真实出现. 在这样一个物种制图问题中, 这样简单的编号可能并不完全合适. 例如, 一个物种可能只在像素 i 中的一部分出现, 或是一个像素中可能包括几个位置, 于是我们可能要考虑在每个像素中对观测到物种的几个位置建立模型. 为了简化, 我们假设这种马尔可夫随机域的应用问题更像是一个图像分析问题, 其中 $x_i = 1$ 表示黑色的像素.

我们考虑由数据密度得到的简单似然函数

$$f(\boldsymbol{y}|\boldsymbol{x}) \propto \exp\left\{\alpha \sum_{i=1}^{n} 1_{\{y_i = x_i\}}\right\}, \tag{8.19}$$

其中 $\boldsymbol{x}_i \in \{0,1\}$. 参数 α 可以规定为用户选择的常数或是通过选择一个先验然后估计得到. 这里我们采用前者, 设 $\alpha = 1$.

假设 $\boldsymbol{X}$ 的成对差先验密度为

$$f(\boldsymbol{x}) \propto \exp\left\{\beta \sum_{i \sim j} 1_{\{x_i = x_j\}}\right\}, \tag{8.20}$$

其中 $\boldsymbol{x} \in S = \{0,1\}^{46 \times 54}$. 我们考虑一个一阶邻域, 于是 (8.20) 式中所有 $i \sim j$ 的和表示所有像素 i 水平方向和垂直方向附近的像素的和, $i = 1, \cdots, n$. (8.20) 式中引入超参数 β, 其中可以指定给 β 一个超先验分布, 或者规定其为一个常数. 为鼓励相似颜色的像素聚集, 通常 β 被限定为正的. 这里令 $\beta = 0.8$. 我们建议对选择的 α 和 β 的值作敏感度分析以确定它们的影响.

假设有 (8.19) 式和 (8.20) 式, $X_i|\boldsymbol{x}_{-i}, \boldsymbol{y}$ 的一元条件分布是 Bernoulli 分布. 于是在 Gibbs 抽样的第 $t+1$ 次循环中, 设第 i 个像素值等于 1 的概率为

$$\begin{aligned} &P\left(X_i^{(t+1)} = 1|\boldsymbol{x}_{-i}^{(t)}, \boldsymbol{y}\right) \\ &= \left(1 + \exp\left\{\alpha\left(1_{\{y_i=0\}} - 1_{\{y_i=1\}}\right) + \beta \sum_{i \sim j}\left(1_{\{x_j^{(t)}=0\}} - 1_{\{x_j^{(t)}=1\}}\right)\right\}\right)^{-1}, \end{aligned} \tag{8.21}$$

$i = 1, \cdots, n$. 虽然给出的 (8.21) 式以相邻像素为条件更新 $X_i^{(t+1)}$, 但在实际中, 在 Gibbs 循环中只要能够获得相邻像素, 往往分配给它们最近的值 (见 7.2.2 节).

图 8.6 给出在科罗拉多西部犹他花楸树出现的后验均值概率, 它就是用上述 Gibbs 抽样的方法估计得到的. 图 8.7 的盒子图说明来自 Gibbs 抽样的均值后验估计可以成功区别实际中物种是否存在. 事实上, 如果后验均值大于或等于 0.5 的像素换成黑色并且后验均值小于 0.5 的像素换成白色, 则 86% 的像素将被正确标记. □

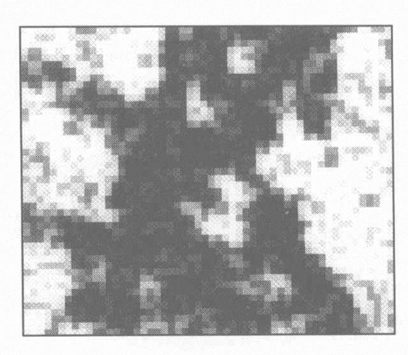


图 8.6 例 8.6 Gibbs 抽样分析中 $\boldsymbol{X}$ 的估计得到的后验均值

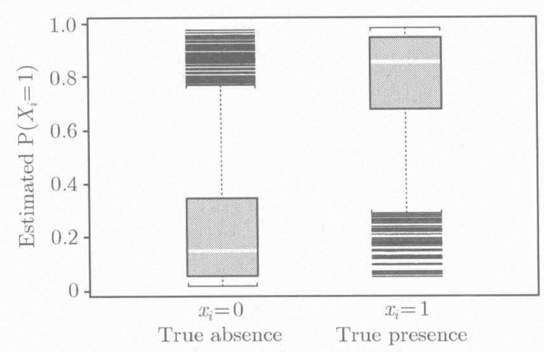


图 8.7 例 8.6 中 $P[X_i = 1]$ 的后验均值估计的盒子图. 平均 Gibbs 抽样中特定像素的样本路径, 对每个 i 给出 $P[X_i = 1]$ 的一个估计. 盒子图说明这些估计分成两组分别对应表示确实出现及未出现犹他花楸树的像素

例 8.6 所用的模型是很基础的, 它忽略了很多在分析空间格子数据时产生的重要问题. 例如, 当通过从空间上划分参考的数据来创建像素时, 如果物种在像素的某些部分出现而在其他部分不出现, 我们就不知道如何对像素 i 中观测到的响应编号.

考虑到上述问题, 一个模型在我们感兴趣的区域中用到一个潜在的二元空间过程 [110, 192]. 令 $\lambda(s)$ 为一个图像区域的一个二元过程, 其中 s 为坐标. 我们要研究的物种在像素 i 出现的比例为

$$p_i = \frac{1}{|A_i|} \int_{\text{在像素 } i \text{ 中的 } s} 1_{\{\lambda(s)=1\}} \mathrm{d}s, \tag{8.22}$$

其中 $|A_i|$ 表示像素 i 的区域. 令 $Y_i|x_i$ 为独立的条件 Bernoulli 试验, 其中观测到物种出现的概率为 p_i, 因此 $P\left[Y_i = 1|X_i = 1\right] = p_i$. 该公式允许在像素包含几个抽样位置时直接建模. 这一模型的更复杂形式在 [192] 中给出. 我们还可结合协变量提高对物种分布的估计. 例如, 对参数为 p_i 的 Bernoulli 试验建立模型

$$\log\left\{\frac{p_i}{1-p_i}\right\}=\boldsymbol{w}_i^{\mathrm{T}}\boldsymbol{\beta}+\gamma_i, \tag{8.23}$$

其中 $\boldsymbol{w}_i$ 为第 i 个像素的协变量向量, $\boldsymbol{\beta}$ 为协变量的系数向量, γ_i 为一个空间相关随机效应. 这种模型常用于空间流行病学的领域, 见 [38, 39, 351, 428].

8.4.2 马尔可夫随机域的辅助变量方法

8.4.1 节给出的实现 Gibbs 抽样的方法虽操作方便, 但其收敛性可能很差. 在 8.1 节中我们曾经介绍过可以提高收敛性质的结合辅助变量的方法以及混合马氏链算法. 对于二元马尔可夫随机模型, 上述改善方法同样十分有意义.

有一项著名的辅助变量技术称为 Swendsen-Wang 算法 [151, 526]. 将这种方法应用到二元马尔可夫随机域, 通过聚集颜色相近的相邻像素可得到一个较粗糙的图像. 每个聚类通过一个合适的 Metropolis-Hastings 步进行更新. 而这种图像粗糙技术在某些应用中可便于快速寻找到参数空间 [286].

在 Swendsen-Wang 算法中, 通过对图像中每对相邻的像素 $i\sim j$ 引入一个连接变量 U_{ij}, 获得聚类. 所有连接的像素构成一个聚类. 颜色相近的相邻像素是否连接, 取决于 U_{ij}. 令 $U_{ij}=1$ 表示像素 i 和 j 连接, 而 $U_{ij}=0$ 则表示它们没有连接. 假设连接变量 U_{ij} 在 $\boldsymbol{X}=\boldsymbol{x}$ 的条件下相互独立, 并令 $\boldsymbol{U}$ 为所有 U_{ij} 的向量.

不严格地讲, Swendsen-Wang 算法在生成聚类和标记像素颜色之间交替进行. 图 8.8 表示用于一个 4×4 像素的图像算法的一次循环. 图 8.8 中的左图表示当前图像以及一个 4×4 的图形中所有可能的连接构成的集合. 中间的图表示 Swendsen-Wang 算法的下一次迭代开始时生成的所有连接. 下面我们将看到颜色相近的像素之间以 $1-\exp\{-\beta\}$ 的概率连接起来, 因此颜色相近的相邻像素并非是强制连接起来的. 连接的像素构成的连通集合形成聚类. 在图 8.8 中间的图上, 用框线围起 5 个聚类. 这表明 Swendsen-Wang 算法允许图像粗糙. 在每次迭代的最后, 更新所有聚类的颜色：依照图像的后验分布决定的某种方式, 随机给聚类重新着色. 图 8.8 右边的图表示的就是颜色更新后产生的新的图像. 这里没有表示出观测数据 $\boldsymbol{y}$.

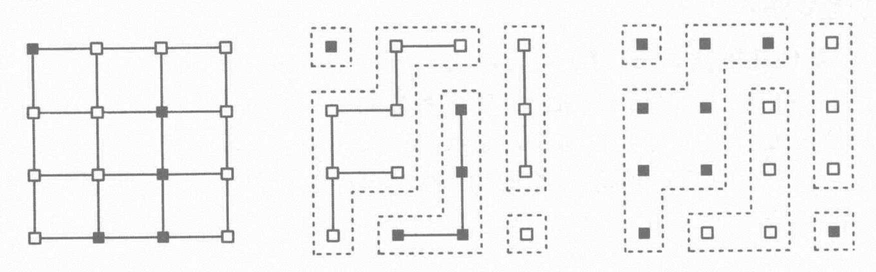


图 8.8 Swendsen-Wang 算法的说明

严格意义上, Swendsen-Wang 算法是 Gibbs 抽样的特例, 在更新 $\boldsymbol{X}|\boldsymbol{u}$ 和 $U|\boldsymbol{x}$ 之间交替进行. 算法过程如下：

(1) 抽取相互独立的连接变量

$$U_{ij}^{(t+1)}\big|x^{(t)} \sim \text{Unif}\left(0, \exp\left\{\beta 1_{\left\{\mathrm{x}_{\mathrm{i}}^{(\mathrm{t})}=\mathrm{x}_{\mathrm{j}}^{(\mathrm{t})}\right\}}\right\}\right),$$

对于所有的 $i \sim j$ 相邻像素. 注意到仅当 $x_i^{(t)} = x_j^{(t)}$ 时, $U_{ij}^{(t+1)}$ 可能大于 1, 并且此时 $U_{ij}^{(t+1)} > 1$ 的概率为 $1 - \exp\{-\beta\}$. 当 $U_{ij}^{(t+1)} > 1$ 时, 我们称像素 i 和像素 j 在第 $t+1$ 次迭代时连接;

(2) 抽样 $\boldsymbol{X}^{(t+1)}\big|\boldsymbol{u}^{(t+1)} \sim f\left(\cdot\big|u^{(t+1)}\right)$, 其中

$$f\left(\boldsymbol{x}|\boldsymbol{u}^{(t+1)}\right) \propto \exp\left\{\alpha \sum_{i=1}^{n} 1_{\{y_i=x_i\}}\right\} \times \prod_{i\sim j} 1_{\left\{0\leqslant u_{ij}^{(t+1)}\leqslant \exp\left\{\beta 1_{\{x_i=x_j\}}\right\}\right\}}, \tag{8.24}$$

注意到 (8.24) 式强制每个聚类的颜色作为一个整体单位被更新;

(3) 增加 t, 返回第一步.

于是对简单模型, 颜色相同的像素对以概率 $1-\exp\{-\beta\}$ 连接. 连接变量定义像素的聚类, 每个聚类由至少一个连接变量所连通的像素的集合构成. 每个聚类独立更新且在同一聚类中的像素着相同的颜色. 通过模拟 Bernoulli 分布, 我们实现 (8.24) 中的更新步骤, 其中给一个像素聚类 C 着黑色的概率为

$$\frac{\exp\left\{\alpha \sum_{i\in C} 1_{\{y_i=1\}}\right\}}{\exp\left\{\alpha \sum_{i\in C} 1_{\{y_i=0\}}\right\} + \exp\left\{\alpha \sum_{i\in C} 1_{\{y_i=1\}}\right\}}. \tag{8.25}$$

马尔可夫随机域的局部相关的结构根据 (8.25) 式决定的着色可进行分离, 因此有可能加速算法的混合.

例 8.7 (犹他花楸树分布, 续)　为比较 Gibbs 抽样和 Swendsen-Wang 算法的表现, 我们回到例 8.6. 在这一问题中, 似然函数对后验分布有主要的影响. 因此为了强调两种算法之间的区别, 了解 Swendsen-Wang 算法可以实现怎样的混合, 我们令 $\alpha = 0$. 在图 8.9 中, 两种算法在相同的图像中开始第一次迭代, 并且接下来三次迭代也在图中给出. Swendsen-Wang 算法每次迭代产生的图像变化很大, 而 Gibbs 抽样产生的图像则相当近似. 在 Swendsen-Wang 迭代中, 较大的像素聚类转换颜色很突然, 因此可以加速算法的混合.

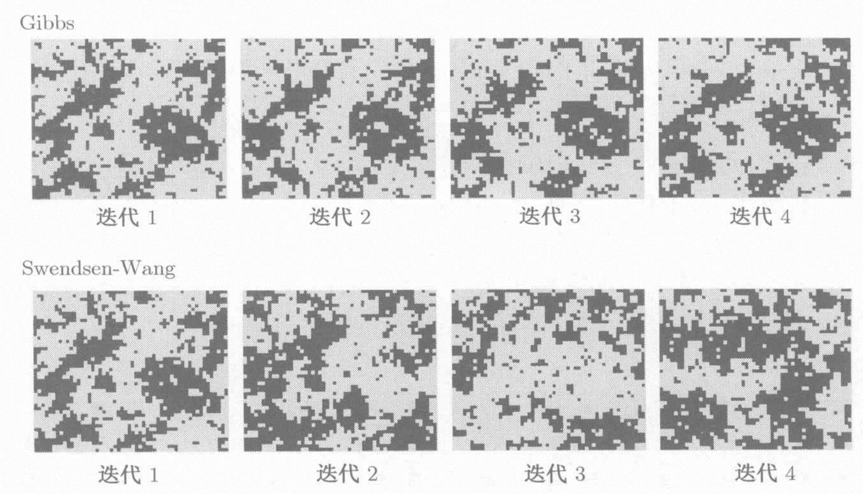


图 8.9 Gibbs 抽样和 Swendsen-Wang 算法模拟马尔可夫随机域的一个比较. 两种算法的迭代 1 是相同的. 详见例 8.7

当包含似然函数时, 用 Swendsen-Wang 算法分析例 8.6 中的数据就几乎无任何优势了. 对于选定的 α 和 β, 聚类变大, 并且比图 8.9 的颜色变化的频率要低. 在对该问题的应用中, 由 Swendsen-Wang 算法获得的一系列图像看起来与 Gibbs 抽样得到的图像相当近似, 此时由 Swendsen-Wang 算法和 Gibbs 抽样得到的结果差别很小.

利用称为*分离*的性质, Swendsen-Wang 算法不考虑以 $\boldsymbol{X}^{(t)}$ 为条件的似然函数而生成聚类. 似然函数和图像的后验分布在算法的第 1 步和第 2 步被分开. 这一性质很吸引人, 因为它可以提高 MCMC 算法的混合速度. 然而除非认真选取 α 和 β, 分离性质也可能并无用处. 如果聚类变大而颜色变化频繁, 则样本路径中将几乎没有剧烈的图像变化. 这就导致混合性差. 进一步, 当后验分布是多峰的时候, 如果链运行得不够长, Gibbs 抽样和 Swendsen-Wang 算法可能错失潜在的峰. 为解决这些问题, 一种部分分离方法被提出, 同时这种方法对于解决比较困难的图像问题也有一些潜在的优势 [285, 286].

8.4.3 马尔可夫随机域的完美抽样

对一个二元图像问题实现标准的完美抽样需要监控从所有可能的图像出发的样本路径. 很明显, 即使对于一般大小的二元图像问题这都不可能做到. 在 8.3.1 节中, 我们介绍了处理很大状态空间的随机单调性方法. 我们可应用这种方法对马尔可夫随机域的 Bayes 分析实现完美抽样.

为研究随机单调性方法, 要求状态是半序的, 因此如果 $x_i \leqslant y_i$, $i = 1, \cdots, n$, 则 $\boldsymbol{x} \leqslant \boldsymbol{y}$, $\boldsymbol{x}, \boldsymbol{y} \in S$. 在二元图像问题中, 很容易就可以验证满足半序的条件. 如果

$S = \{0,1\}^n$ 并且只要 $x_i = 1, i = 1, \cdots, n$, 就有 $y_i = 1$, 则定义 $\boldsymbol{x} \leqslant \boldsymbol{y}$. 如果确定的转移法则 q 可以保持状态的半序性质, 则我们只需监控从全黑和全白图像出发的样本路径的配对情况.

例 8.8 (夹层二元图像)　图 8.10 表示对一个 4×4 二元图像的 Gibbs 抽样 CFTP 算法的五次迭代, 其中像素对的更新值保持序不变. 在上面一行的样本路径起始于第 $\tau = -1\,000$ 次迭代, 其中图像是全黑的. 换言之, $x_i^{(-1\,000)} = 1, i = 1, \cdots, 16$. 下面一行的样本路径从全白的图像出发. 从全黑的图像出发的样本路径是夹层的上界, 并且从全白的图像出发的样本路径是夹层的下界.

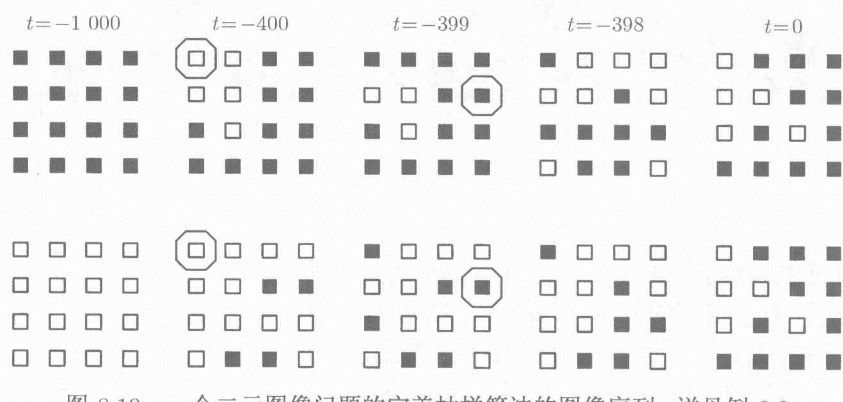


图 8.10　一个二元图像问题的完美抽样算法的图像序列. 详见例 8.8

在初始迭代后, 我们检查在 $t = -400$ 时的路径. 在下方的样本路径中, 从 $t = -400$ 时的迭代到 $t = -399$ 时的迭代, 画圈的像素由白色变成黑色. 单调性要求这一像素在上方的路径中也变成黑色. 该要求可通过单调更新函数 q 直接实现. 然而还要注意到在上方的图像中从白到黑的改变并不能强制要求下方图像作相同的改变; 例如, 画圈像素右边的像素.

在上方的图像中从黑到白的改变强制要求下方图像作相同的改变. 例如, 从 $t = -399$ 到 $t = -398$ 时, 上方样本路径中的画圈像素由黑色变化成白色. 因此迫使下方的样本路径中相应的像素也由黑色变化成白色. 而在下方图像中像素由黑到白的改变也不能强制上方的图像作相同的变化.

对一系列图像中像素的检查表明模拟过程保持了成对像素图像的半序性质. 在 $t = 0$ 时的迭代, 两样本路径配对. 因此在 $\tau = -1\,000$ 时的任意图像出发的一条链一定也会在 $t = 0$ 迭代时与相同的图像配对. 在 $t = 0$ 时表示的图像是链的平稳分布的一次实现. □

例 8.9 (犹他花楸树分布, 续)　对于物种分布图问题, 在例 8.6 中给出的 Gibbs 抽样之后, 紧接着我们建立了 CFTP 算法. 为在第 $t+1$ 次迭代中更新第 i 个像素, 我

们从 Unif(0, 1) 中生成 $U^{(t+1)}$. 则更新值为

$$X_i^{(t+1)} = q\left(\boldsymbol{x}_{-i}^{(t)}, U^{(t+1)}\right) = \begin{cases} 1, & \text{如果} U^{(t+1)} < P\left[X_i^{(t+1)} = 1 \middle| \boldsymbol{x}_{-i}^{(t)}, \boldsymbol{y}\right], \\ 0, & \text{其他}, \end{cases} \tag{8.26}$$

其中 $P\left[X_i^{(t+1)} = 1 \middle| \boldsymbol{x}_{-i}^{(t)}, \boldsymbol{y}\right]$ 在 (8.21) 中给出. 这些更新值仍保持状态空间的半序性质. 因此, 实现 CFTP 算法要从两个初始图像出发: 即从全黑和全白的图像出发. 我们只需监控这两个图像, 并继续 CFTP 算法直到两图像在 $t = 0$ 迭代时配对. CFTP 算法在类似二元图像问题中的应用, 见 [144, 145]. □

8.5 马氏链极大似然

在很多 Bayes 的例子中, 我们都曾用 Monte Carlo 积分来表示马氏链 Monte Carlo 方法. 而 MCMC 方法对于极大似然估计问题同样适用, 特别是对于指数族而言 [205, 429]. 考虑由指数族模型 $\boldsymbol{X} \sim f(\cdot|\boldsymbol{\theta})$ 生成数据, 其中

$$f(\boldsymbol{x}|\boldsymbol{\theta}) = c_1(\boldsymbol{x}) c_2(\boldsymbol{\theta}) \exp\left\{\boldsymbol{\theta}^{\mathrm{T}} s(\boldsymbol{x})\right\}. \tag{8.27}$$

这里 $\boldsymbol{\theta} = (\theta_1, \cdots, \theta_p)$ 和 $s(\boldsymbol{x}) = (s_1(\boldsymbol{x}), \cdots, s_p(\boldsymbol{x}))$ 分别为参数向量和充分统计量. 在很多情况下, $c_2(\boldsymbol{\theta})$ 不能通过分析方法确定, 因此使得似然函数不能直接极大化.

假设我们用 MCMC 方法生成 $\boldsymbol{X}^{(1)}, \cdots, \boldsymbol{X}^{(n)}$, 其平稳密度为 $f(\cdot|\boldsymbol{\psi})$, 其中 $\boldsymbol{\psi}$ 是为 $\boldsymbol{\theta}$ 专门选择的, 且 $f(\cdot|\boldsymbol{\psi})$ 属于和数据密度相同的指数族. 则易证

$$c_2(\boldsymbol{\theta})^{-1} = c_2(\boldsymbol{\psi})^{-1} \int \exp\left\{(\boldsymbol{\theta} - \boldsymbol{\psi})^{\mathrm{T}} s(\boldsymbol{x})\right\} f(\boldsymbol{x}|\boldsymbol{\psi}) \mathrm{d}\boldsymbol{x}. \tag{8.28}$$

虽然 MCMC 抽样之间相互联系, 并且并非真正取自 $f(\cdot|\boldsymbol{\psi})$, 但是利用强大数定律, 当 $n \to \infty$ 时, 有

$$\hat{k}(\boldsymbol{\theta}) = \frac{1}{n} \sum_{t=1}^{n} \exp\left\{(\boldsymbol{\theta} - \boldsymbol{\psi})^{\mathrm{T}} s(\boldsymbol{X}^{(t)})\right\} \to \frac{c_2(\boldsymbol{\psi})}{c_2(\boldsymbol{\theta})}. \tag{8.29}$$

因此, 给定数据 $\boldsymbol{x}$ 的对数似然函数的 Monte Carlo 估计为

$$\hat{l}(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x}) = \boldsymbol{\theta}^{\mathrm{T}} s(\boldsymbol{x}) - \log \hat{k}(\boldsymbol{\theta}), \tag{8.30}$$

再加上一个常数. 当 $n \to \infty$ 时, 极大化 $\hat{l}(\boldsymbol{\theta}|\boldsymbol{x})$ 的 $\boldsymbol{\theta}$ 值收敛到极大化真实对数似然函数的 $\boldsymbol{\theta}$ 值. 因此, 我们取 $\boldsymbol{\theta}$ 的 Monte Carlo **极大似然估计**为极大化 (8.30) 式的值, 记为 $\hat{\boldsymbol{\theta}}_{\psi}$.

于是, 可利用 MCMC 方法生成 $f(\cdot|\boldsymbol{\psi})$ 的模拟值近似 MLE $\hat{\boldsymbol{\theta}}$. 显然, 似然估计 $\hat{\boldsymbol{\theta}}_\psi$ 的性质在很大程度上依赖于 $\boldsymbol{\psi}$ 的选择. 与重要抽样相同, 对 $\boldsymbol{\psi}$ 最好的选择是令 $\boldsymbol{\psi} = \hat{\boldsymbol{\theta}}$. 而在实际中, 我们可能需要通过自适应或者经验似然估计精心选择一个或者几个 $\boldsymbol{\psi}$ 值 [205].

问　　题

8.1 在 8.2.1 节中曾给过一个在线性模型中进行 Bayes 变量选择的方法, 并且该方法在例 8.4 中得到进一步的验证. 对于 (8.10) 式中的 Bayes 分析, 我们可以使用正态 – 伽玛分布的先验共扼族 $\boldsymbol{\beta}|m_k \sim N(\boldsymbol{\alpha}_{m_k}, \sigma^2\boldsymbol{V}_{m_k})$ 和 $v\lambda/\sigma^2 \sim \chi^2_v$. 证明 $\boldsymbol{Y}|m_k$ 的边际密度为

$$\frac{\Gamma\left(\frac{v+n}{2}\right)(v\lambda)^{v/2}}{\pi^{n/2}\Gamma\left(\frac{v}{2}\right)[\boldsymbol{I}+\boldsymbol{X}_{m_k}\boldsymbol{V}_{m_k}\boldsymbol{X}_{m_k}^{\mathrm{T}}]^{1/2}}$$

$$\times\left[\lambda v + (\boldsymbol{Y}-\boldsymbol{X}_{m_k}\boldsymbol{\alpha}_{m_k})^{\mathrm{T}}\left(\boldsymbol{I}+\boldsymbol{X}_{m_k}\boldsymbol{V}_{m_k}\boldsymbol{X}_{m_k}^{\mathrm{T}}\right)^{-1}(\boldsymbol{Y}-\boldsymbol{X}_{m_k}\alpha_{m_k})\right]^{-\frac{v+n}{2}},$$

其中 $\boldsymbol{X}_{m_k}$ 为设计矩阵, $\boldsymbol{\alpha}_{m_k}$ 为均值向量, $\boldsymbol{V}_{m_k}$ 为模型 m_k 中 $\boldsymbol{\beta}_{m_k}$ 的协变量矩阵.

8.2 考虑 8.3 节中给出的 CFTP 算法.

(a) 构造一个有限状态空间的例子, 利用 Metropolis-Hastings 算法以及 CFTP 算法模拟多元平稳分布 f. 针对你给出的例子, 定义 (7.1) 式中的 Metropolis-Hastings 比率以及 (8.13) 式中的确定转移法则, 并且说明二者之间有何联系.

(b) 构造一个二元状态空间的例子, 使得可以应用 CFTP 算法模拟平稳分布 f. 按照 (8.13) 式的形式, 定义两个确定转移法则, 其中一个转移法则 q_1, 可在某一次迭代时配对, 而另一个转移法则 q_2, 则不能配对. CFTP 算法中的哪条假设与法则 q_2 相违背?

(c) 构造一个二元状态空间的例子说明为什么 CFTP 算法不能在 $\tau = 0$ 时开始并且完成配对. 你所作的解释同样可以说明在 8.3 节讨论过的问题.

8.3 假设我们希望从 X 的边缘分布抽样, 其中 $\theta \sim \mathrm{Beta}(\alpha,\beta)$ 并且 $X|\theta \sim \mathrm{Bin}(\mathrm{n},\theta)$ [81].

(a) 证明 $\theta|x \sim \mathrm{Beta}(\alpha+\mathrm{x},\beta+\mathrm{n}-\mathrm{x})$.

(b) 求出 X 的边际分布值.

(c) 使用 Gibbs 抽样获得 (θ, X) 的联合样本, 令 $x^{(0)} = 0$, $\alpha = 10$, $\beta = 5$ 和 $n = 10$.

(d) 令 $U^{(t+1)}$ 和 $V^{(t+1)}$ 为两个服从 Unif(0, 1) 分布的相互独立的随机变量. 则从 $X^{(t)} = x^{(t)}$ 到 $X^{(t+1)}$ 的转移法则可写为

$$\begin{aligned} X^{(t+1)} &= q\left(x^{(t)}, U^{(t+1)}, V^{(t+1)}\right) \\ &= F^{-1}_{\mathrm{Bin}}\left(V^{(t+1)}; n, F^{-1}_{\mathrm{Beta}}\left(U^{(t+1)}; \alpha + x^{(t)}; \beta + n - x^{(t)}\right)\right), \end{aligned} \quad (8.31)$$

其中 $F_d^{-1}(p;\mu_1,\mu_2)$ 是参数为 μ_1 和 μ_2 的分布 d 的可逆累积分布函数, 其中变量为 p. 利用 (8.31) 式中的转移法则, 实现 8.3.1 节中的 CFTP 算法, 并针对本问题进行完美抽样. 每次样本路径在 $t = 0$ 时没有配对, 则 τ 就减少一个单位. 运行函

数 100 次, 对平稳分布抽样 100 次, 其中 $\alpha = 10$, $\beta = 5$, $n = 10$. 做一个 100 个起始时刻的直方图 (使得其终点时刻均为 $t = 0$). 做一个 100 个 $X^{(0)}$ 实现值的直方图. 并讨论你的结果.

(e) 对于 $\alpha = 1.001$, $\beta = 1$, $n = 10$, 运行几次 (d) 中的函数. 选择一次运行, 要求链在 $\tau = 15$ 或更早的时刻开始. 画出从所有起始时刻 (11 个起始值) 到 $t = 0$ 时刻的样本路径, 即顺序连接状态的线路. 如同图 8.3 的右图一样, 观察链的配对情况. 并说明图中我们感兴趣的性质.

(f) 运行几次 (d) 中的算法. 每次运行, 选择一个长度为 20 的完美链 (即, 一旦完成配对, 算法并不在 $t = 0$ 时刻停止, 而是从 $t = 0$ 时刻继续链的运行到 $t = 19$ 时刻). 选择一个这样的链, 其中 $x^{(0)} = 0$, 并且画出 $t = 0, \cdots, 19$ 的样本路径. 接下来, 从 $x^{(0)} = 0$ 出发经过 $t = 19$ 时刻, 运行 (c) 中的 Gibbs 抽样. 在已画好的图上用虚线迭加这条链的样本路径.

i. 在 Gibbs 抽样中预烧 $t = 2$ 是否充分? 为什么?

ii. (以 $x^{(0)} = 0$ 为条件的 CFTP 算法和从 $x^{(0)} = 0$ 开始的 Gibbs 抽样产生的) 两条链中, 哪一条生成的随机变量序列 $\boldsymbol{X}^{(t)}, t = 1, 2, \cdots$, 的分布更接近目标分布? 为什么这种带条件的 CFTP 链不能产生一个完美抽样呢?

8.4 考虑一维黑白图像, 并用 0 和 1 构成的向量表示. 对于 35 个像素 $\boldsymbol{y} = (y_1, \cdots, y_{35})$ 的观测数据 (观测图像) 为

$$10101111010000101000010110101001101.$$

假设真实图像 $\boldsymbol{x}$ 的后验密度为

$$f(\boldsymbol{x}|\boldsymbol{y}) \propto \exp\left\{\sum_{i=1}^{35} \alpha(x_i, y_i)\right\} \exp\left\{\sum_{i \sim j} \beta 1_{\{x_i = x_j\}}\right\},$$

其中

$$\alpha(x_i, y_i) = \begin{cases} \log\{2/3\}, & \text{如果 } x_i = y_i, \\ \log\{1/3\}, & \text{如果 } x_i \neq y_i. \end{cases}$$

对本问题考虑使用 Swendsen-Wang 算法, 其中根据 $U_{ij}|\boldsymbol{x} \sim \mathrm{Uinf}\left(0, \exp\left\{\beta 1_{\{\mathrm{x_i = x_j}\}}\right\}\right)$ 抽取连接变量.

(a) 实现上述 Swendsen-Wang 算法, 其中 $\beta = 1$. 创建一条长度为 40 的链, 并要求起始图像 $x^{(0)}$ 为观测数据.

　　注意到一系列完整的图像可如图 8.11 所示在一个二维图中表示出来. 图 8.11 中使用的是 Gibbs 抽样. 利用从 Swendsen-Wang 算法中得到的输出结果, 为 Swendsen-Wang 迭代创建一个类似 8.11 的图. 并指出你所给出的图与图 8.11 的区别.

(b) 分别对于 $\beta = 0.5$ 和 $\beta = 2$ 时重复 (a), 研究 β 的作用. 并指出你所给出的图与 (a) 中结果的区别.

(c) 通过对于三个不同的起始值重复 (a), 研究起始值的作用; 首先令 $\boldsymbol{x}^{(0)} = (0, \cdots, 0)$, 其次令 $\boldsymbol{x}^{(0)} = (1, \cdots, 1)$, 最后令 $x_i^{(0)} = 0, i = 1, \cdots, 17$ 和 $x_i^{(0)} = 1, i = 18, \cdots, 35$. 将这三个试验的结果与 (a) 中的结果作比较.

(d) 有什么好的方法可以产生一个最好的图像代表你对真实图像的估计?

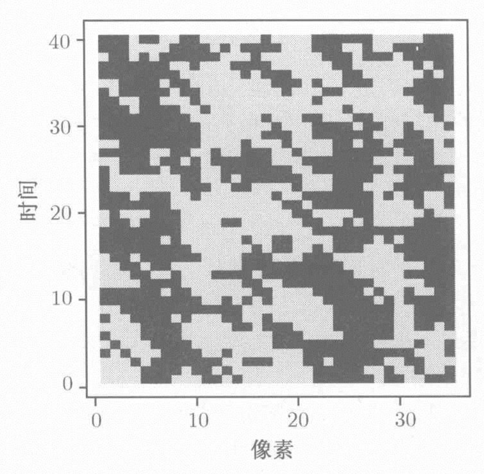


图 8.11 问题 8.4 的 40 次 Gibbs 抽样迭代, 其中 $\beta = 1$

8.5 图 8.12 中给出的真实图像以及观测图像的数据可在本书的网站上获得. 这里的真实图像是一个二元的 20×20 像素的图像, 其先验密度为

$$f(x_i|\boldsymbol{x}_{\delta_i}) = N(\bar{x}_{\delta_i}, \sigma^2/v_i),$$

$i = 1, \cdots, n$, 其中 v_i 为 x_i 的邻域 δ_i 中邻点的个数, 而 $\bar{x}_{\delta_i}$ 为第 i 个像素的邻点的均值. 先验密度使得局部相关. 观测图像是带有噪声的真实图像的退化形式, 用灰色标注, 并可通过一个正态分布建立模型. 假设似然方程为

$$f(y_i|x_i) = N(x_i, \sigma^2),$$

其中 $i = 1, \cdots, n$.

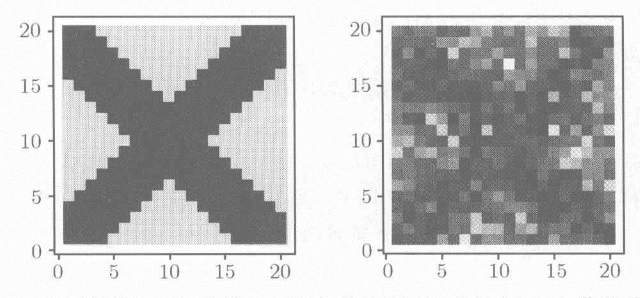


图 8.12 问题 8.5 的图像. 左图是真实图像, 右图是一个观测图像

(a) 对本问题使用 Gibbs 抽样, 证明其中一元条件后验分布为

$$f(x_i|\boldsymbol{x}_{-i}, \boldsymbol{y}) = N\left(\frac{1}{v_i+1}y_i + \frac{v_i}{v_i+1}x_{\delta_i}, \frac{\sigma^2}{v_i+1}\right).$$

(b) 假设算法的起始点是等于观测数据图像的初始图像 $\boldsymbol{x}^{(0)}$, 并且 $\sigma=5$, 利用一个二阶邻域. 使用 Gibbs 抽样 (没有预烧期或是次抽样) 从后验分布中生成 100 个图像的集合. 其中不要将图像看作是新图像, 除非每一个像素都完成更新 (即, 一次完整的循环). 记录完成后面的图需要的数据: 数据图像, 第一次从后验分布 ($\boldsymbol{X}^{(1)}$) 中抽得的样本图像, 最后一次从后验分布 ($\boldsymbol{X}^{(100)}$) 中抽得的样本图像以及均值图像.

提示:

- 由于邻域大小的变化, 处理边界是比较困难的. 而创建一个 42 行, 42 列的矩阵, 其中观测数据的四周是全为零的行或者列, 比较容易做到. 若使用这种方法, 则要确保边缘区域不影响你的分析.
- 画出一次完整循环中最后的 $\boldsymbol{X}^{(t)}$ 图, 使得可以更好地理解你所构造的链的表现.

(c) 仿照 (b) 的方法运行 2×3 因素设计, 要求填充设计的剩余部分, 其中设计的因子和水平如下:

- 选择的相邻结构为 (i) 一阶邻域或 (ii) 二阶领域.
- 选择像素误差的变化率为 (i) $\sigma=2$, (ii) $\sigma=5$ 或 (iii) $\sigma=15$.

作图并详细比较试验中每个设计点的结果.

(d) 仿照 (b) 的方法再重复一次运行, 但这次起始图像 $\boldsymbol{x}^{(0)}$ 等于 57.5 (真实后验平均像素颜色), 其中 $\sigma=5$ 并使用到一阶邻域. 讨论你的结果并通过结果说明链的表现.

第 9 章　Bootstrap 方法

9.1　Bootstrap 的基本原则

令 $\theta = T(F)$ 为我们所感兴趣的关于分布函数 F 的某一特征, 将其表示为 F 的函数. 比如, $T(F) = \int z\mathrm{d}F(z)$ 是分布的期望. 令 $\boldsymbol{x}_1, \cdots, \boldsymbol{x}_n$ 为观测数据, 其可看作为随机变量 $\boldsymbol{X}_1, \cdots, \boldsymbol{X}_n \sim \text{i.i.d.}F$ 的实现. 本章用 $\boldsymbol{X} \sim F$ 表示 $\boldsymbol{X}$ 服从密度函数为 f 的分布, 其对应的累积分布函数为 F. 令 $\mathcal{X} = \{\boldsymbol{X}_1, \cdots, \boldsymbol{X}_n\}$ 表示整个数据集.

如果 $\widehat{F}$ 是观测数据的经验分布函数, 则 θ 的一个估计为 $\widehat{\theta} = T(\widehat{F})$. 比如, 当 θ 是一元总体均值, 则估计就是样本均值, $\widehat{\theta} = \int z\mathrm{d}\widehat{F}(z) = \sum_{i=1}^{n} X_i/n$.

统计推断的问题通常是根据 $T(\widehat{F})$ 或某个 $R(\mathcal{X}, F)$ 提出来的, 这里 $R(\mathcal{X}, F)$ 是依赖于数据和它们的未知分布函数 F 的统计函数. 举例来说, 一个一般的检验统计量可以为 $R(\mathcal{X}, F) = [T(\widehat{F}) - T(F)]/S(\widehat{F})$, 其中 S 为估计 $T(\widehat{F})$ 的标准差的函数.

随机变量 $R(\mathcal{X}, F)$ 的分布可能难以处理或者根本就是未知的. 该分布可能也依赖于未知分布 F. Bootstrap 方法提供了关于 $R(\mathcal{X}, F)$ 的分布的一种近似, 其是由观测数据的经验分布函数 (本身是 F 的估计) 所导出的 [152, 154]. 关于 Bootstrap 的详尽回顾可参见 [122, 157, 159].

令 $\mathcal{X}^*$ 表示一伪–数据 Bootstrap 样本, 这里我们称其为 *伪数据集*. $\mathcal{X}^* = \{\boldsymbol{X}_1^*, \cdots, \boldsymbol{X}_n^*\}$ 的元素是独立同分布于 $\widehat{F}$ 的随机变量. Bootstrap 的策略就是考察 $R(\mathcal{X}^*, \widehat{F})$ 的分布, 也就是在 R 中使用 $\mathcal{X}^*$ 所得到的随机变量. 在某些特殊情况下, 我们有可能通过解析方法推导或估计 $R(\mathcal{X}^*, \widehat{F})$ (见例 9.1 及问题 9.1 与 9.2). 但是通常所使用的是如同在 9.2.1 节中所描述的模拟方法.

例 9.1 (简单描述)　假设有 $n = 3$ 个一元数据点, 也就是 $\{x_1, x_2, x_3\} = \{1, 2, 6\}$, 是从均值为 θ 的分布 F 中观测到的独立同分布样本. 在每个观测点, $\widehat{F}$ 给予其 1/3 的密度. 假设我们想要 Bootstrap 的估计是样本均值 $\widehat{\theta}$, 也就是可写成 $T(\widehat{F})$ 或者 $R(\mathcal{X}, F)$, 其中在此问题中 R 不依赖于 F.

令 $\mathcal{X}^* = \{X_1^*, X_2^*, X_3^*\}$ 包含从 $\widehat{F}$ 中抽取出的元素. 对于 $\mathcal{X}^*$ 总共有 $3^3 = 27$ 种可能. 令 $\widehat{F}^*$ 表示这个样本的经验分布函数, 其相应的估计为 $\widehat{\theta}^* = T(\widehat{F}^*)$. 因为 $\widehat{\theta}^*$ 不依赖于数据的顺序, 则总共只有 10 种不同的结果. 表 9.1 列出了这些结果.

表 9.1 由 $\{1,2,6\}$ 所可能得到的 Bootstrap 伪数据集 (忽略顺序), 相应的 $\widehat{\theta}^* = T(\widehat{F}^*)$, 在 Bootstrap 实验中每一种结果的概率 ($P^*[\widehat{\theta}^*]$), 以及 1 000 次 Bootstrap 迭代所观测到的相对频率

	$\mathcal{X}^*$		$\widehat{\theta}^*$	$P^*[\widehat{\theta}^*]$	观测频率
1	1	1	3/3	1/27	36/1000
1	1	2	4/3	3/27	101/1000
1	2	2	5/3	3/27	123/1000
2	2	2	6/3	1/27	25/1000
1	1	6	8/3	3/27	104/1000
1	2	6	9/3	6/27	227/1000
2	2	6	10/3	3/27	131/1000
1	6	6	13/3	3/27	111/1000
2	6	6	14/3	3/27	102/1000
6	6	6	18/3	1/27	40/1000

在表 9.1 中, $P^*[\widehat{\theta}^*]$ 表示以原始观测为条件抽取 $\mathcal{X}^*$ 的 Bootstrap 实验中 θ^* 的概率分布. 为与 F 区分, 当涉及该条件概率或矩的时候, 我们用星号来表示, 如 $P^*\left[\widehat{\theta}^* \leqslant 6/3 = 8/27\right]$.

Bootstrap 的基本原则就是视 $R(\mathcal{X}^*, \widehat{F})$ 和 $R(\mathcal{X}, F)$ 是等同的. 在该例中, 这就意味着我们基于 $\widehat{\theta}^*$ 的分布来进行推断. 该分布归纳在表 9.1 中, 也就是 $\widehat{\theta}^*$ 和 $P^*[\widehat{\theta}^*]$. 所以, 举例来说, 利用 $\widehat{\theta}^*$ 的分布的分位数, 可得到对于 θ 的一个简单 Bootstrap 25/27 (大约 93%) 置信区间为 $(4/3, 14/3)$. 点估计仍然通过原始观测数据来获得, 即 $\widehat{\theta} = 9/3$. □

9.2 基本方法

9.2.1 非参数 Bootstrap

通常对于一个实际问题的样本容量, 潜在的 Bootstrap 伪数据集的个数非常大, 因此将所对应的概率都列举出来是不现实的. 作为替代, 我们可从观测数据的经验分布函数中随机抽取 B 个独立的 Bootstrap 伪数据集. 将它们定义为 $\mathcal{X}_i^* = \{\boldsymbol{X}_{i1}^*, \cdots, X_{in}^*\}, i = 1, \cdots, B$. $R(\mathcal{X}_i^*, \widehat{F}), i = 1, \cdots, B$ 的经验分布函数可用于近似 $R(\mathcal{X}, F)$ 的分布并进行推断. 这样避免了完全列举所有可能的 Bootstrap 伪数据集, 但模拟误差相应产生, 然而我们可通过增大 B 使这个误差任意地小. Bootstrap 使我们的分析和推断不需要进行参数假设, 它为那些不太可能得到解析方案的问题提供了解决办法, 并且可以给出比应用传统标准参数理论所得到的结果更加精确的回答.

例 9.2 (简单描述, 续) 我们继续研究例 9.1 中的数据, 回想在那个例子中观测数

据的经验分布函数 $\widehat{F}$ 在 1, 2, 6 上分别置予 1/3 的密度. 非参数 Bootstrap 通过从 $\widehat{F}$ 中独立同分布地抽取 X_{i1}^*, X_{i2}^* 和 X_{i3}^* 来构成 $\mathcal{X}_i^*$. 换句话说, 从 $\{1,2,6\}$ 中等概率可放回地抽取 X_{ij}^*. 每个 Bootstrap 伪数据集产生相应的估计 θ^*. 表 9.1 中给出了由随机抽取的 $B = 1\ 000$ 的 Bootstrap 伪数据集 $\mathcal{X}_i^*$ 所得到的对 $\widehat{\theta}^*$ 可能值观测到的相对频率. 这些相对频率可用于近似 $P^*[\widehat{\theta}^*]$. Bootstrap 思想说明此时可用 $P^*[\widehat{\theta}^*]$ 来近似 $\widehat{\theta}$ 的抽样分布.

对于这个简单描述问题, 所有可能的 Bootstrap 伪数据集空间可以完全地列举出来, 因此 $P^*[\widehat{\theta}^*]$ 可精确地推导出来. 因此, 对于该问题我们可以不使用模拟方法. 然而, 在实际应用中, 样本容量可能太大以至于不可能列举出 Bootstrap 的样本空间. 因此, 在真实的应用问题中 (见 9.2.3 节), 通常只有可能的伪数据集的一小部分会被抽取到, 因此这样做经常得到的是对于估计量可能值的一个子集. □

对于 Bootstrap 方法的一个基本要求是被重抽样的数据本身是一个独立同分布的样本. 如果样本不是独立同分布的, $R(\mathcal{X}^*, \widehat{F})$ 对于 $R(\mathcal{X}, F)$ 的分布近似则不再成立. 我们将在 9.2.3 节中说明使用者必须谨慎地考虑生成观测数据的随机机制与所使用的 Bootstrap 重抽样策略之间的关系. [122, 159, 344, 352, 518] 给出了对于相关数据的 Bootstrap 方法.

9.2.2 参数化 Bootstrap

前面所描述的典型的非参数 Bootstrap 方法是从 $\widehat{F}$ 中抽取独立同分布的 $\boldsymbol{X}_1^*, \cdots, \boldsymbol{X}_n^*$ 来生成伪数据集 $\mathcal{X}^*$. 当数据可被模型化使其本身来自于一个参数分布, 即 $\boldsymbol{X}_1, \cdots, \boldsymbol{X}_n \sim \text{i.i.d. } F(\boldsymbol{x}, \boldsymbol{\theta})$ 时, 我们可采用 F 的另一种估计. 假设观测数据可用来获得 $\widehat{\boldsymbol{\theta}}$ 以估计 $\boldsymbol{\theta}$. 则我们能够通过抽取 $\boldsymbol{X}_1^*, \cdots, \boldsymbol{X}_n^* \sim \text{i.i.d. } F(\boldsymbol{x}, \widehat{\boldsymbol{\theta}})$ 来生成*参数化* Bootstrap 伪数据集 $\mathcal{X}^*$. 当模型已知或可确信很好地表示了真实模型的时候, 参数化 Bootstrap 将会成为一个强有力的工具, 它能够对那些难以处理的问题给出推断, 并且其产生的置信区间会比用标准极限理论所得到的精确很多.

然而, 在某些情形下, 到底 Bootstrap 基于什么模型往往是事后决定的. 举例来说, 一个确定性的生物学种群模型, 其基于一些生物学参数以及初始种群大小, 可能用来预测种群数量随时间的变化. 假设在不同的时间点上用不同的方法对动物计数. 我们可用观测到的数量与模型预测的进行比较来判断模型参数是否产生良好的拟合效果. 然后我们可以再建立第二个模型, 并认为观测值来自于对数正态分布, 其期望等于由生物学模型所得到的预测值, 而其变差是预先决定的一系数. 这样就形成了参数和数据之间方便的联系. 我们通过从对数正态分布抽取 Bootstrap 伪数据集来对第二个模型使用参数化 Bootstrap 方法. 在这种情况下, 观测数据的抽样分布很难被认为是服从对数正态模型的.

只有在迫不得已的情形下才使用这种依赖于特别的误差模型的分析. 使用方便

的但不适当的模型常常相当诱人. 如果模型不能够很好地拟合数据的生成机制, 参数化 Bootstrap 方法就会得到错误的推断结果. 然而, 在那些没有什么合适的推断性的方法可使用的场合下, 我们也可一试.

9.2.3 基于 Bootstrap 的回归方法

考虑如下一般的多重回归模型, $Y_i = \boldsymbol{x}_i^{\mathrm{T}}\boldsymbol{\beta} + \epsilon_i, i = 1, \cdots, n$, 其中假设 ϵ_i 是均值为零方差为常数的独立同分布随机变量. 这里, $\boldsymbol{x}_i$ 和 $\boldsymbol{\beta}$ 分别是 p- 维的协变量和参数. 一种简单但是错误的 Bootstrap 方法描述如下. 我们从响应值集合中重抽样来构成一个新的伪响应, 也就是对于每一个观测的 $\boldsymbol{x}_i$ 有 Y_i^*, 从而可得到一个新的回归数据集. 然后可以由这些伪数据集来计算 Bootstrap 参数向量估计 $\widehat{\boldsymbol{\beta}}^*$. 重复重抽样和估计的步骤很多次后, $\widehat{\boldsymbol{\beta}}^*$ 经验分布可用于推断 $\boldsymbol{\beta}$. 这样做错误的原因是 $Y_i|\boldsymbol{x}_i$ 不是独立同分布的——它们具有不同的边际分布. 因此, 用这种方法生成 Bootstrap 回归数据集是不恰当的.

为了确定一个正确的 Bootstrap 方法, 我们必须找到合适的独立同分布的变量. 模型中的 ϵ_i 是独立同分布的. 因此, 更恰当的策略是如下所描述的 Bootstrap *残差法*.

我们先由观测数据拟合回归模型, 然后获得拟合的响应 $\widehat{y}_i$ 和残差 $\widehat{\epsilon}_i$. 从拟合残差集合中有放回地随机抽取得到 Bootstrap 残差集合 $\{\widehat{\epsilon}_1^*, \cdots, \widehat{\epsilon}_n^*\}$. (注意实际上 $\widehat{\epsilon}_i^*$ 不是独立的, 尽管通常来说它们近似独立.) 生成一个伪响应 Bootstrap 集合, $Y_i^* = \widehat{y}_i + \widehat{\epsilon}_i^*, i = 1, \cdots, n$. 对 $\boldsymbol{x}$ 回归 Y^* 从而获得 Bootstrap 参数估计 $\widehat{\boldsymbol{\beta}}^*$. 重复多次该过程可得到 $\widehat{\boldsymbol{\beta}}^*$ 的经验分布函数, 然后我们用它进行推断.

对于设计好的实验或者 $\boldsymbol{x}_i$ 值是预先固定的数据, 这种方法是最适合的. 对于其他模型, 如 AR(1)、非参数回归和广义线性模型的简单 Bootstrap 方法的核心都是 Bootstrap 残差的策略.

Bootstrap 残差依赖于选定的模型是否能够给予观测数据适当的拟合以及残差具有常数方差的假设. 如果对这些条件的成立没有足够信心的话, 则我们可能需要使用其他的 Bootstrap 方法.

假设数据从某观察研究中得到, 其中响应变量和协变量都是从一群个体中随机选出并测量得到的. 在这种情形下, 我们可将数据 $\boldsymbol{z}_i = (\boldsymbol{x}_i, y_i)$ 视作是从响应 - 协变量联合分布中得到的随机变量 $\boldsymbol{Z}_i = (\boldsymbol{X}_i, Y_i)$ 的观测值. 对于 Bootstrap, 可随机有放回地从观测数据 $\{\boldsymbol{z}_1, \cdots, z_n\}$ 中抽取样本 $\boldsymbol{Z}_1^*, \cdots, \boldsymbol{Z}_n^*$. 对所得到的伪随机数据集拟合回归模型以获得 Bootstrap 参数估计 $\widehat{\boldsymbol{\beta}}^*$. 多次重复这些步骤, 然后如第一种方法中介绍的进行推断. 这种情形的 Bootstrap 方法有时也被称作为成对 Bootstrap.

若回归模型的适当性, 残差方差的稳定性, 或者其他回归假设有疑问的话, 则

成对 Bootstrap 对不满足这些假设的情形要比 Bootstrap 残差方法更加稳健. 在协变量不是固定的情形下, 成对 Bootstrap 更加直接地匹配了原始数据的生成机制.

还有一些其他更加复杂的用于处理 Bootstrap 回归问题的方法 [122, 156, 159, 288].

例 9.3 (铜–镍合金数据) 表 9.2 给出了在铜–镍混合过程中 13 个腐蚀损失测量值 (y_i), 每个对应一特定的含铁量 (x_i) [147]. 我们感兴趣的是相对于当不含铁时的腐蚀损失, 随着含铁量的增加, 混合过程中腐蚀损失的变化. 因此, 考虑简单线性模型中 $\theta = \beta_1/\beta_0$ 的估计.

表 9.2 用于描述获得对 β_1/β_0 的 Bootstrap 置信区间方法的铜–镍合金数据

x_i	0.01	0.48	0.71	0.95	1.19	0.01	0.48
y_i	127.6	124.0	110.8	103.9	101.5	130.1	122.0
x_i	1.44	0.71	1.96	0.01	1.44	1.96	
y_i	92.3	113.1	83.7	128.0	91.4	86.2	

令 $\boldsymbol{z}_i = (x_i, y_i), i = 1, \cdots, 13$, 假设采用成对 Bootstrap 方法. 通过观测数据得到估计 $\widehat{\theta} = \widehat{\beta}_1/\widehat{\beta}_0 = -0.185$. 对于 $i = 2, \cdots, 10\,000$, 我们随机有放回地从 13 个数据对 $\{\boldsymbol{z}_1, \cdots, \boldsymbol{z}_{13}\}$ 重抽样得到 Bootstrap 数据集 $\{\boldsymbol{Z}_1^*, \cdots, \boldsymbol{Z}_{13}^*\}$. 图 9.1 是由 Bootstrap 数据集回归所得到的估计的直方图. 这个直方图归纳了 θ 的估计 $\widehat{\theta}$ 的抽样变差. □

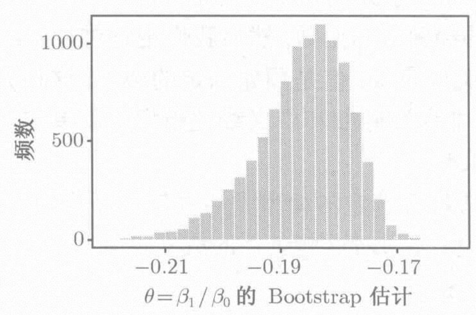


图 9.1 铜–镍合金数据的非参数成对 Bootstrap 分析所得到的 β_1/β_0 的 10 000 次 Bootstrap 估计的直方图

9.2.4 Bootstrap 偏差修正

当 $T(F) = \theta$ 时, 在 Bootstrap 分析中我们特别感兴趣的量是 $R(\mathcal{X}, F) = T(\widehat{F}) - T(F)$. 这个量代表的是 $T(\widehat{F}) = \widehat{\theta}$ 的偏差, 其均值等于 $\mathrm{E}\{\widehat{\theta}\} - \theta$. 这个偏差的 Bootstrap 估计是 $\mathrm{E}^*\{\widehat{\theta}^*\} - \widehat{\theta} = \bar{\theta}^* - \widehat{\theta}$, 其中 $\bar{\theta}^* = \sum_{j=1}^{B} \widehat{\theta}_j^*/B$.

例 9.4 (铜–镍合金数据，续) 对于例 9.3 的铜–镍合金回归数据，由 Bootstrap 伪数据集所得的 $\widehat{\theta}^* - \widehat{\theta}$ 均值为 −0.001 25，也就是一个比较小的负偏差. 因此，β_1/β_0 的偏差修正后的 Bootstrap 估计为 $-0.185\,07-(-0.001\,25)=-0.184$. 通过 9.3.2 节第 4 部分中的 Bootstrap 嵌套方法可以很自然地将偏差估计包含入区间估计中. □

我们通过很少的工作就可得到一个改进的偏差估计. 令 $\widehat{F}_j^*$ 表示第 j 个 Bootstrap 伪数据集的经验分布，且定义 $\bar{F}^*(\boldsymbol{x})=\sum_{j=1}^{B}\widehat{F}_j^*(\boldsymbol{x})/B$. 则 $\bar{\theta}^*-T(\bar{F}^*)$ 就是一个更好的偏差估计. 我们将在 9.5 节中讨论该策略与 Bootstrap 打包法的比较. 关于这些方法以及其他一些偏差修正的特点的研究显示使用 $\bar{\theta}^*-T(\bar{F}^*)$ 具有较出色的效果及更快的收敛速度 [159].

9.3 Bootstrap 推断

9.3.1 分位点方法

用 Bootstrap 模拟来对一元参数 θ 进行推断的最简单方法是使用分位点方法构造一个置信区间. 也就是从 Bootstrap 所得到的关于 $\widehat{\theta}^*$ 的直方图上读取分位点. 实际上此方法已隐含在前面的讨论中了.

例 9.5 (铜–镍合金数据，续) 回到例 9.3 所介绍的铜–镍合金回归数据中对 $\theta=\beta_1/\beta_0$ 的估计问题. 回想图 9.1 给出了 $\widehat{\theta}$ 的抽样方差作为 θ 的估计. 基于分位点方法我们可通过在直方图上找到 $((1-\alpha/2)100)$ 和 $((\alpha/2)100)$ 的经验分位点来构造 Bootstrap $1-\alpha$ 置信区间. 使用简单的 Bootstrap 分位点方法所得到关于 β_1/β_0 的 95% 的置信区间为 $(-0.205,-0.174)$. □

进行假设检验与估计置信区间是密切相关的. 使用 Bootstrap 进行假设检验最简单的方法就是基于 Bootstrap 置信区间的 p- 值. 具体来说，考虑对某一参数的原假设，其中该参数的估计可以使用 Bootstrap. 如果对该参数的 $(1-\alpha)100\%$ Bootstrap 置信区间不能够覆盖原假设值，则原假设以不超过 α 的 p- 值被拒绝. 置信区间本身可通过分位点方法或者下面将要讨论的一些更优越的方法来获得.

用 Bootstrap 置信区间来进行假设检验通常会导致统计势略有损失. 若 Bootstrap 模拟通过使用一个与原假设相合的抽样分布而进行，则有可能得到更高的势 [501]. 使用检验统计量在原假设下的抽样分布是假设检验的基本原则. 不幸的是，与给定的原假设相合的许多不同的 Bootstrap 抽样策略都需要添加各种比原假设本身需要的更多的限制. 这些不同的抽样模型就会得到不同效果的假设检验. 我们需要更多关于如何进行 Bootstrap 假设检验的的经验和理论的研究工作，尤其是在原假设下的适当的 Bootstrap 抽样方法. 对于一些特定情形下的策略可参见 [122,

159] 中所描述的方法.

尽管 Bootstrap 分位点方法使用简单, 但是其容易得到有偏的不精确的覆盖率. 当 θ 是位置参数的时候, Bootstrap 方法具有更好的效果. 这对于使用分位点方法来说格外重要. 为确保 Bootstrap 的效果, Bootstrap 统计量应该近似是枢轴的: 它的分布不依赖于 θ 的真值. 因为方差—稳定化变换 g 自然地使得 $g(\widehat{\theta})$ 与 θ 独立, 所以它经常提供了良好的枢轴性. 9.3.2 节将讨论一些依赖于枢轴量来改进 Bootstrap 效果的方法.

分位点方法的合理性

我们可通过考虑一个连续严格单增的变换 ϕ 和一个连续对称 (也就是 $H(z) = 1-H(-z)$) 的分布函数 H 来验证分位点方法的合理性. ϕ 和 H 具有如下的性质:

$$P\left[h_{\alpha/2} \leqslant \phi(\widehat{\theta}) - \phi(\theta) \leqslant h_{1-\alpha/2}\right] = 1-\alpha, \tag{9.1}$$

其中, h_α 是 H 的 α 分位点. 举例来说, 如果 ϕ 是一个标准化且方差稳定化的变换, 则 H 是标准正态分布. 原则上, 当 F 连续时我们利用单调变换 $G^{-1}(F(x))$ 可将任意随机变量 $X \sim F$ 变换至我们想要的分布 G. 所以对于标准化没有特别之处. 事实上, 分位点方法的显著之处在于我们从来都不真正需要显式地确定 ϕ 和 H.

对 (9.1) 使用 Bootstrap 原则, 我们有

$$\begin{aligned}
1-\alpha &\approx P^*\left[h_{\alpha/2} \leqslant \phi(\widehat{\theta}^*) - \phi(\widehat{\theta}) \leqslant h_{1-\alpha/2}\right] \\
&= P^*\left[h_{\alpha/2} + \phi(\widehat{\theta}) \leqslant \phi(\widehat{\theta}^*) \leqslant h_{1-\alpha/2} + \phi(\widehat{\theta})\right] \\
&= P^*\left[\phi^{-1}\left(h_{\alpha/2} + \phi(\widehat{\theta})\right) \leqslant \widehat{\theta}^* \leqslant \phi^{-1}\left(h_{1-\alpha/2} + \phi(\widehat{\theta})\right)\right].
\end{aligned} \tag{9.2}$$

由于 Bootstrap 分布是观测到的, 其分位点就是已知的分位数 (除了一定程度的 Monte Carlo 变差, 而这样的变差可通过增加伪数据集的数目 B 而变得任意小). 令 ξ_α 表示 $\widehat{\theta}^*$ 的经验分布函数的 α 分位点. 则 $\phi^{-1}\left(h_{\alpha/2} + \phi(\widehat{\theta})\right) \approx \xi_{\alpha/2}$ 以及 $\phi^{-1}\left(h_{1-\alpha/2} + \phi(\widehat{\theta})\right) \approx \xi_{1-\alpha/2}$.

接下来, 我们重新表示用于构建置信区间的原始的概率等式 (9.1) 以使其与 θ 无关. 使用对称性 $h_{\alpha/2} = -h_{1-\alpha/2}$ 可得

$$P\left[\phi^{-1}\left(h_{\alpha/2} + \phi(\widehat{\theta})\right) \leqslant \theta \leqslant \phi^{-1}\left(h_{1-\alpha/2} + \phi(\widehat{\theta})\right)\right] = 1-\alpha. \tag{9.3}$$

上式中置信区间的边界与 (9.2) 中的刚好吻合, 而我们已经得到了估计 $\xi_{\alpha/2}$ 和 $\xi_{1-\alpha/2}$. 因此, 我们可简单地从 Bootstrap 分布中读取 $\widehat{\theta}^*$ 的分位数, 然后用它们作为 θ 的置信区间边界. 注意到分位点方法是**变换保持**的, 也就是说 θ 的单调变换的置信区间与 θ 本身的区间的变换是一样的 [159].

9.3.2 枢轴化

1. *加速偏差修正分位点方法*, BC_a

加速偏差修正分位点方法 (BC_a), 通常能够对简单分位点方法提供大量的改进 [142, 155]. 若想使基本的分位点方法很有效, 那么我们必须要求变换后的估计 $\phi(\widehat{\theta})$ 是无偏的, 且其方差不依赖于 θ. BC_a 用两个参数增大 ϕ 来更好地满足这些条件, 因此确保了近似枢轴性.

假设存在某单调递增的函数 ϕ 以及常数 a 和 b, 使得

$$U = \frac{\phi(\widehat{\theta}) - \phi(\theta)}{1 + a\phi(\theta)} + b \tag{9.4}$$

具有 $N(0,1)$ 分布, 其中 $1 + a\phi(\theta) > 0$. 注意到如果 $a = b = 0$, 这个变换就是简单分位点方法.

使用 Bootstrap 原则,

$$U^* = \frac{\phi(\widehat{\theta}^*) - \phi(\widehat{\theta})}{1 + a\phi(\widehat{\theta})} + b \tag{9.5}$$

近似地服从标准正态分布. 对于任意标准正态分布的分位点 z_α,

$$\begin{aligned} \alpha &\approx P^*[U^* \leqslant z_\alpha] \\ &= P^*\left[\widehat{\theta}^* \leqslant \phi^{-1}\left(\phi(\widehat{\theta}) + (z_\alpha - b)[1 + a\phi(\widehat{\theta})]\right)\right]. \end{aligned} \tag{9.6}$$

然而, $\widehat{\theta}^*$ 的经验分布的 α 分位点, 记作 ξ_α, 可从 Bootstrap 分布中观测得到. 因此

$$\phi^{-1}\left(\phi(\widehat{\theta}) + (z_\alpha - b)[1 + a\phi(\widehat{\theta})]\right) \approx \xi_\alpha. \tag{9.7}$$

为了使用 (9.7), 考虑 U 本身:

$$\begin{aligned} 1 - \alpha &= P[U > z_\alpha] \\ &= P\left[\theta < \phi^{-1}\left(\phi(\widehat{\theta}) + u(a,b,\alpha)[1 + a\phi(\widehat{\theta})]\right)\right], \end{aligned} \tag{9.8}$$

其中 $u(a,b,\alpha) = \frac{b - z_\alpha}{1 - a(b - z_\alpha)}$. 注意到 (9.6) 和 (9.8) 的相似性. 如果我们可以找一个 β 使得 $u(a,b,\alpha) = z_\beta - b$, 那么我们就可使用 Bootstrap 原则认为 $\theta < \xi_\beta$ 近似是 $1-\alpha$ 的置信区间上界. 使用这个条件的逆函数可得

$$\beta = \Phi(b + u(a,b,\alpha)) = \Phi\left(b + \frac{b + z_{1-\alpha}}{1 - a(b + z_{1-\alpha})}\right), \tag{9.9}$$

其中 Φ 是标准正态分布的累积分布函数, 而最后的等式是由对称性得到的. 因此, 如果我们有适当的 a 和 b, 则为了得到 $1-\alpha$ 的置信区间上界, 我们可先计算 β, 然后使用 Bootstrap 伪数据集找到 $\widehat{\theta}^*$ 的经验分布的 β 分位点, 也就是 ξ_β.

对于双边 $1-\alpha$ 置信区间, 使用该方法得到 $P\left[\xi_{\beta_1}\leqslant\theta\leqslant\xi_{\beta_2}\right]\approx 1-\alpha$, 其中

$$\beta_1=\Phi\left(b+\frac{b+z_{\alpha/2}}{1-a(b+z_{\alpha}/2)}\right), \tag{9.10}$$

$$\beta_2=\Phi\left(b+\frac{b+z_{1-\alpha/2}}{1-a(b+z_{1-\alpha/2})}\right), \tag{9.11}$$

且 ξ_{β_1} 和 ξ_{β_2} 是 $\widehat{\theta}^*$ 的 Bootstrap 值所对应的分位点.

作为分位点方法, 上述 BC_a 的优势在于不需要变换 ϕ 的显式表达. 进而, 由于 BC_a 方法仅仅修正了用于决定从 Bootstrap 分布中读取的置信区间端点的分位数水平, 所以它具有简单分位点方法的变换保持性质.

现在剩下的问题就是关于 a 和 b 的选择. 最简单的非参数选择是 $b=\Phi^{-1}(\widehat{F}^*(\widehat{\theta}))$ 以及

$$a=\frac{1}{6}\sum_{i=1}^{n}\psi_i^3\Bigg/\left(\sum_{i=1}^{n}\psi_i^2\right)^{3/2}, \tag{9.12}$$

其中

$$\psi_i=\hat{\theta}_{(\cdot)}-\hat{\theta}_{(-i)}, \tag{9.13}$$

而 $\hat{\theta}_{(-i)}$ 表示舍去第 i 个观测值计算得到的统计量, 且 $\hat{\theta}_{(\cdot)}=\frac{1}{n}\sum\limits_{i=1}^{n}\hat{\theta}_{(-i)}$. 一个相近的方案是令

$$\psi_i=\lim_{\epsilon\to 0}\frac{1}{\epsilon}\left(T\left((1-\epsilon)\widehat{F}+\epsilon\delta_i\right)-T\left(\widehat{F}\right)\right), \tag{9.14}$$

其中 δ_i 表示在观测 x_i 从 0 跳至 1 的分布函数 (即在 x_i 的密度是 1). (9.14) 中的 ψ_i 可通过有限差分来近似. Shao 和 Tu 探讨了这些问题并给出了其他一些 a 和 b 的选择方法 [501].

例 9.6 (铜–镍合金数据, 续)　我们继续探讨例 9.3 中所介绍的铜–镍合金数据的回归问题, 这里可得 $a=0.048\ 6$ (利用 (9.13)) 及 $b=0.008\ 02$. 则调整后的分位数为 $\beta_1=0.038$ 和 $\beta_2=0.986$. 因此 BC_a 的主要效果就是将置信区间略微地右移. 最终所得的置信区间为 $(-0.203,-0.172)$. □

2. Bootstrap t

另一种非常容易实现的近似枢轴方法是 Bootstrap t, 也常称为 **学生化** Bootstrap [153, 159]. 假设 $\theta=T(F)$ 由 $\widehat{\theta}=T(\widehat{F})$ 估计, 而 $V(\widehat{F})$ 估计 $\widehat{\theta}$ 的方差. 则使用 $R(\mathcal{X},F)=\frac{T(\widehat{F})-T(F)}{\sqrt{V(\widehat{F})}}$ 是较为合理的. 对 $R(\mathcal{X},F)$ 使用 Bootstrap 可得到一组 $R(\mathcal{X}^*,\widehat{F})$.

定义 $\widehat{G}$ 和 $\widehat{G}^*$ 分别为 $R(\mathcal{X},F)$ 和 $R(\mathcal{X}^*,\widehat{F})$ 的分布. 由定义, θ 的 $1-\alpha$ 置信区

间可由如下关系获得

$$\begin{aligned}
&P[\xi_{\alpha/2}(\widehat{G}) \leqslant R(\mathcal{X}, F) \leqslant \xi_{1-\alpha/2}(\widehat{G})] \\
&\quad = P\left[\widehat{\theta} - \sqrt{V(\widehat{F})}\xi_{1-\alpha/2}(\widehat{G}) \leqslant \theta \leqslant \widehat{\theta} - \sqrt{V(\widehat{F})}\xi_{\alpha/2}(\widehat{G})\right] \\
&\quad = 1 - \alpha,
\end{aligned}$$

其中 $\xi_\alpha(\widehat{G})$ 为 $\widehat{G}$ 的 α 分位点. 由于 F 是未知的 (因此 $\widehat{G}$ 也是), 这些分位点是未知的. 然而, Bootstrap 原则意味着 $\widehat{G}$ 和 $\widehat{G}^*$ 应该大致相同, 所以对任意的 α, $\xi_\alpha(\widehat{G}) \approx \xi_\alpha(\widehat{G}^*)$. 因此, 可构建如下的 Bootstrap 置信区间

$$\left(T(\widehat{F}) - \sqrt{V(\widehat{F})}\xi_{1-\alpha/2}(\widehat{G}^*), T(\widehat{F}) - \sqrt{V(\widehat{F})}\xi_{\alpha/2}(\widehat{G}^*)\right), \tag{9.15}$$

其中, $\widehat{G}^*$ 的分位点可由 $R(\mathcal{X}^*, \widehat{F})$ 的 Bootstrap 值的直方图得到. 由于这些分位点是在分布的尾部, 所以为了达到足够的精度, 至少需要数千的 Bootstrap 伪数据集.

例 9.7 (铜–镍合金数据, 续) 我们继续探讨例 9.3 中所介绍的铜–镍合金数据的回归问题, 基于 delta 方法的 $\widehat{\beta}_1/\widehat{\beta}_0$ 的方差估计 $V(\widehat{F})$ 为

$$\left(\frac{\widehat{\beta}_1}{\widehat{\beta}_0}\right)^2 \left(\frac{\widehat{\text{var}}\{\widehat{\beta}_1\}}{\widehat{\beta}_1^2} + \frac{\widehat{\text{var}}\{\widehat{\beta}_0\}}{\widehat{\beta}_0^2} - \frac{2\widehat{\text{cov}}\{\widehat{\beta}_0, \widehat{\beta}_1\}}{\widehat{\beta}_0\widehat{\beta}_1}\right), \tag{9.16}$$

其中估计的方差和协方差都可由基本的回归结果得到. 使用 Bootstrap t 方法则可得到图 9.2 所示对应 $\widehat{G}^*$ 的直方图. $\widehat{G}^*$ 的 0.025 和 0.975 分位点分别为 -5.77 和 4.44, 且 $\sqrt{V(\widehat{F})} = 0.002\,73$. 因此, 95% 的 Bootstrap t 置信区间为 $(-0.198, -0.169)$. □

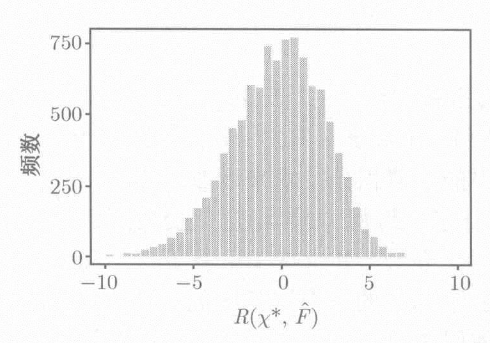


图 9.2 铜–镍合金数据的学生化 Bootstrap 分析中由 10 000 个 $R(\mathcal{X}^*, \widehat{F})$ 所得到的直方图

这种方法需要 $\widehat{\theta}$ 的方差估计, 即 $V(\widehat{F})$. 如果没有合适的估计, 则可使用 [122] 中的 delta 方法来近似.

使用 Bootstrap t 方法通常能够得到非常接近名义置信水平的置信区间覆盖率. 当 $T(\widehat{F})$ 近似地是一个位置参数 (也就是若给所有数据值一常数位移则 $T(\widehat{F})$ 会体现出同样的位移), Bootstrap t 方法最可靠. 该方法对于方差 - 稳定化的估计也很有效. Bootstrap t 区间的覆盖率对数据中的异常点比较敏感, 故在此情况下使用该方法应当更加小心. Bootstrap t 没有分位点方法所具有的变换保持的性质.

3. *经验方差稳定化*

方差–稳定化变换通常是良好枢轴的基础. 估计 $\widehat{\theta}$ 的方差–稳定化变换就是为了使变换后的估计的抽样方差不依赖于 θ. 通常欲 Bootstrap 的统计量的方差–稳定化变换是未知的, 但我们可用 Bootstrap 来估计它.

首先抽取 B_1 个 Bootstrap 伪数据集 $\mathcal{X}_j^*, j=1,\cdots,B_1$. 对每个 Bootstrap 伪数据集计算 $\widehat{\theta}_j^*$, 且令 $\widehat{F}_j^*$ 为第 j 个 Bootstrap 伪数据集的经验分布函数.

对每个 $\mathcal{X}_j^*$, 接下来从 $\widehat{F}_j^*$ 中抽取 B_2 个 Bootstrap 伪数据集 $\mathcal{X}_{j1}^{**},\cdots,\mathcal{X}_{jB_2}^{**}$. 对于每个 j, 令 $\widehat{\theta}_{jk}^{**}$ 表示由第 k 个子样得到的参数估计, 且令 $\bar{\theta}_j^{**}$ 为 $\widehat{\theta}_{jk}^{**}$ 的均值. 则

$$\widehat{s}(\widehat{\theta}_j^*) = \frac{1}{B_2-1}\sum_{k=1}^{B_2}\left(\widehat{\theta}_{jk}^{**} - \bar{\theta}_j^{**}\right)^2 \tag{9.17}$$

为给定 $\theta=\widehat{\theta}_j^*$ 下 $\widehat{\theta}$ 标准误的估计.

对点集 $\{\widehat{\theta}_j^*, \widehat{s}(\widehat{\theta}_j^*)\}, j=1,\cdots,B_1$ 拟合一条曲线. 可参见第 11 章中许多灵活的非参数的方法. 拟合的曲线是 θ 和它的估计的标准误之间关系的一种估计. 我们试图寻找一个方差–稳定化变换来消除这种关系.

回想如果 Z 是一均值 θ 方差 $s(\theta)$ 的随机变量, 则由 Taylor 展开 (也就是 delta 方法) 可得到 $\mathrm{var}\{g(Z)\}\approx g'(\theta)^2 s^2(\theta)$. 若想使 $g(Z)$ 的方差为常数, 我们需要

$$g(z) = \int_a^z \frac{1}{s(u)}\mathrm{d}u, \tag{9.18}$$

其中 a 是任意方便的常数使得 $\frac{1}{s(u)}$ 在 $[a,z]$ 上是连续的. 因此, 我们可通过对前一步的拟合曲线使用 (9.18) 来获得 Bootstrap 数据的一个 $\widehat{\theta}$ 的近似方差–稳定化变换. 积分可由第五章中的数值积分技术来近似. 记结果为 $\widehat{g}(\theta)$.

现在我们已经估计了一近似方差–稳定化变换, 接下来就可在变换后的尺度上使用 Bootstrap t 方法. 从 $\widehat{F}$ 中抽取 B_3 个新的 Bootstrap 伪数据集, 然后使用 Bootstrap t 方法来找到 $\widehat{g}(\theta)$ 的一个置信区间. 但是要注意, $\widehat{g}(\theta)$ 的标准误约为一常数, 所以我们可以使用 $R(\mathcal{X}^*,\widehat{F})=\widehat{g}(\hat{\theta}^*)-\widehat{g}(\hat{\theta})$ 来计算 Bootstrap t 置信区间. 最终, 所得区间的端点值可通过使用变换 $\widehat{g}^{-1}$ 转回到 θ 的尺度上.

这种从每一个原始伪数据集抽取迭代 bootstrp 伪数据集的方法在很多情形下都相当有用. 事实上, 它是下面将要描述的置信区间构造方法的基础.

4. 嵌套 Bootstrap 及预枢轴化

另一种枢轴化的方式是嵌套 Bootstrap [23, 24]. 有时也称该方法为迭代或者双重 Bootstrap.

给定由模型 $\boldsymbol{X}_1, \cdots, \boldsymbol{X}_n \sim \text{i.i.d. } F$ 观测得到的数据 $\boldsymbol{x}_1, \cdots, \boldsymbol{x}_n$, 考虑基于检验统计量 $R_0(\mathcal{X}, F)$ 构造置信区间或者进行假设检验. 令 $F_0(q, F) = P[R_0(\mathcal{X}, F) \leqslant q]$. 由 F_0 的定义可看出 R_0 分布显式地依赖于 R_0 中所用数据的分布. 我们可由下面的式子来获得一个双边的置信区间

$$P[F_0^{-1}(\alpha/2, F) \leqslant R_0(\mathcal{X}, F) \leqslant F_0^{-1}(1-\alpha/2, F)] = 1 - \alpha, \tag{9.19}$$

及基于下式的假设检验

$$P[R_0(\mathcal{X}, F) \leqslant F_0^{-1}(1-\alpha, F)] = 1 - \alpha. \tag{9.20}$$

当然, 这些概率依赖于 F_0 的未知的分位数. 在估计问题中, F 未知; 对于假设检验问题, F 的原假设是已知的. 而在上述两种情况中, R_0 的分布均未知. 我们可以利用 Bootstrap 方法近似 F_0 及其分位数.

Bootstrap 方法一开始先从经验分布 $\widehat{F}$ 中抽取 B 个 Bootstrap 伪数据集, $\mathcal{X}_1^*, \cdots, \mathcal{X}_B^*$. 对于第 j 个 Bootstrap 伪数据集, 计算统计量 $R_0(\mathcal{X}_j^*, \widehat{F})$. 令 $\widehat{F}_0(q, \widehat{F}) = \frac{1}{B}\sum_{j=1}^{B} 1_{\{R_0(\mathcal{X}_j^*, \widehat{F}) \leqslant q\}}$, 其中如果 A 为真, 则 $1_{\{A\}} = 1$, 否则 $1_{\{A\}} = 0$. 因此我们用 $\widehat{F}_0$ 估计 $P^*\left[R_0\left(\mathcal{X}^*, \widehat{F}\right) \leqslant q\right]$, 根据 Bootstrap 原则用 $P^*\left[R_0\left(\mathcal{X}^*, \widehat{F}\right) \leqslant q\right]$ 估计 $P\left[R_0(\mathcal{X}, F) \leqslant q\right] = F_0(q, F)$. 这样置信区间上界的估计为 $\widehat{F}_0^{-1}\left(1-\alpha/2, \widehat{F}\right)$, 或者当 $R_0\left(\{\boldsymbol{x}_1, \cdots, \boldsymbol{x}_n\}, F\right) > \widehat{F}_0^{-1}\left(1-\alpha, \widehat{F}\right)$ 时, 拒绝原假设. 这就是一般的非参数 Bootstrap 方法.

然而, 我们注意到按照这种方法构造的置信区间覆盖率不能正好等于 $1-\alpha$, 这是由于 $\widehat{F}_0$ 仅是 $R_0(\mathcal{X}, F)$ 分布的一个近似. 同样的道理, 由于 $F_0(q, F) \neq \widehat{F}_0(q, \widehat{F})$, 所得假设检验的大小 $P\left[R_0(\mathcal{X}, F) > \widehat{F}_0^{-1}\left(1-\alpha, \widehat{F}\right)\right] \neq \alpha$.

分布 F_0 未知还使我们失去了一个非常好的枢轴量: 随机变量 $R_1(\mathcal{X}, F) = F_0(R_0(\mathcal{X}, F), F)$ 服从一个标准均匀分布并与 F 相互独立. Bootstrap 原则用 $\widehat{F}_0$ 近似 F_0, 并因此用 $\widehat{R}_1(\mathcal{X}, F) = \widehat{F}_0\left(R_0(\mathcal{X}, F), \widehat{F}\right)$ 近似 $R_1(\mathcal{X}, F)$. 于是我们可以基于 $\widehat{R}_1(\mathcal{X}, F)$ 与一个均匀分布的分位数的比较作出 Bootstrap 推断. 在假设检验问题中, 这就意味着我们可基于 Bootstrap 的 p- 值接受或者拒绝原假设.

然而, 我们可用 $\widehat{R}_1(\mathcal{X}, F) \sim F_1$, 其中 F_1 是非均匀分布, 来代替 $R_1(\mathcal{X}, F)$. 令 $F_1(q, F) = P[R_1(\mathcal{X}, F) > q]$. 则当 $R_1 > F_1^{-1}(1-\alpha, F)$ 时, 满足条件的检验拒绝原假设. 具有正确覆盖率下的置信区间可由 $P[F_1^{-1}(\alpha/2, F) \leqslant \widehat{R}_1(\mathcal{X}, F) \leqslant F_1^{-1}(1-\alpha/2, F)] = 1 - \alpha$ 得到. 与之前一样, F_1 未知但可利用 Bootstrap 近似. 现在 $\widehat{R}_1$ 的随机

性来自两个方面: (1) 观测数据是对 F 的随机观测以及 (2) 在给定观测数据 (给定 $\widehat{F}$) 的条件下, $\widehat{R}_1$ 通过 $\widehat{F}$ 的随机再抽样计算得到. 为获得这两种随机性, 我们使用下面的嵌套 Bootstrap 算法:

(1) 生成 Bootstrap 伪数据集 $\mathcal{X}_1^*, \cdots, \mathcal{X}_{B_0}^*$, 其中每个数据集都可看作是有放回地从原始数据中抽取的独立同分布的随机样本.

(2) 计算 $R_0(\mathcal{X}_j^*, \widehat{F}), j = 1, \cdots, B_0$.

(3) 对于 $j = 1, \cdots, B_0$:

① 令 $\widehat{F}_j$ 为 $\mathcal{X}_j^*$ 的经验分布函数, 重复抽取 B_1 个 Bootstrap 伪数据集, $\mathcal{X}_{j1}^{**}, \cdots, \mathcal{X}_{jB_1}^{**}$, 其中每个数据集都可看作是抽取自 $\widehat{F}_1$ 独立同分布的随机样本;

② 计算 $R_0\left(\mathcal{X}_{jk}^{**}, \widehat{F}_j\right), k = 1, \cdots, B_1$;

③ 计算

$$\widehat{R}_1(\mathcal{X}_j^*, \widehat{F}) = \widehat{F}_0(R_0(\mathcal{X}_j^*, \widehat{F}), \widehat{F}) = \frac{1}{B_1} \sum_{k=1}^{B_1} 1_{\{R_0(\mathcal{X}_{jk}^{**}, \widehat{F}_j) \leqslant R_0(\mathcal{X}_j^*, \widehat{F})\}}. \tag{9.21}$$

(4) 记 $\widehat{R}_1(\mathcal{X}_j^*, \widehat{F})$ 的经验分布函数为 $\widehat{F}_1$.

(5) 利用 $\widehat{R}_1(\{\boldsymbol{x}_1, \cdots, \boldsymbol{x}_n\}, F)$ 和 $\widehat{F}_1$ 构造置信区间或假设检验.

第 1 步和第 2 步通过应用 Bootstrap 原则用 $\widehat{F}$ 近似 F, 从而获得第一种随机性. 第 3 步获得第二种随机性, 而第二种随机性是当 R_0 以 $\widehat{F}$ 为条件作 Bootstrap 抽样时, 在 $\widehat{R}_1$ 中引入的.

例 9.8 (铜–镍合金, 续) 回到例 9.3 中介绍的回归问题, 令 $R_0(\{\boldsymbol{x}_1, \cdots, \boldsymbol{x}_{13}\}, F) = \frac{\widehat{\beta}_1}{\widehat{\beta}_0} - \frac{\beta_1}{\beta_0}$, 图 9.3 表示的是由嵌套 Bootstrap 方法获得的 $\widehat{R}_1$ 值的直方图, 其中 $B_0 = B_1 = 300$. 图中的分布表明 $\widehat{F}_1$ 与均匀分布存在着很大的差异. 实际上, 嵌套 Bootstrap 方法给出的 $\widehat{R}_1$ 的 0.025 和 0.975 的分位数分别为 0.031 6 和 0.990. 因此我们能找到 $R_0(\mathcal{X}^*, F)$ 的 3.16% 和 99.0% 的分位点, 并可用其构造 β_1/β_0 的置信区间, 即 $(-0.197, -0.168)$. □

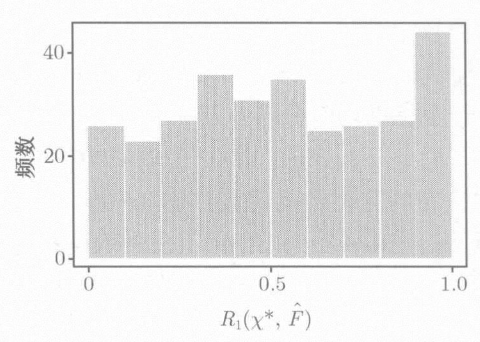


图 9.3 嵌套 Bootstrap 方法分析铜–镍合金数据所得 300 个 $R(\mathcal{X}^*, \widehat{F})$ 值的直方图

嵌套环路使得双重 Bootstrap 方法比其他的枢轴方法要慢得多：在这种情况下, Bootstrap 方法比前面的方法要多抽取 9 次样本. 也有一些重新加权的方法, 比如可以重复使用初始样本的 Bootstrap 循环方法, 从而可以减少计算量 [121, 413].

9.3.3 假设检验

前面关于 Bootstrap 构造置信区间的讨论与假设检验也密切相关. 若一个原假设下的参数值落在置信度为 $(1-\alpha)100\%$ 的置信区间外, 则在 p- 值为 α 的水平被拒绝. Hall 和 Wilson 对于提高 Bootstrap 假设检验的势和精度给出了一些方法 [263].

首先, 实施 Bootstrap 重抽样应以反映原假设的方式进行. 为理解其含意, 考虑一个一元参数 θ 的值为 θ_0 的原假设. 令检验统计量为 $R(\mathcal{X}, F) = \hat{\theta} - \theta_0$. 若样本倾向于简单双边备择假设, 即与基准的分布比较, $|\hat{\theta} - \theta_0|$ 很大时, 将拒绝原假设. 为获得基准分布, 我们可能感觉通过 Bootstrap 再次抽样 $R(\mathcal{X}^*, F) = \theta^* - \theta_0$ 应该可行. 但是, 如果原假设是错误的, 则此统计量没有正确的基准分布. 如果 θ_0 距离真实值 θ 很远, 则与 $|\theta^* - \theta_0|$ 的 Bootstrap 分布比较 $|\hat{\theta} - \theta_0|$ 就不会有那么大的距离. 而一种更好的方法是使用 $R(\mathcal{X}^*, \widehat{F}) = \hat{\theta}^* - \hat{\theta}$ 的值产生 $R(\mathcal{X}, F)$ 原假设的一个 Bootstrap 估计. 当 θ_0 远离真实值 θ 时, 相比 $|\hat{\theta} - \theta_0|$, $|\hat{\theta}^* - \hat{\theta}|$ 的 Bootstrap 值非常小. 因此, $\hat{\theta} - \theta_0$ 与 $\hat{\theta}^* - \hat{\theta}$ 的 Bootstrap 分布比较可得到更大的势.

其次, 我们再次强调使用恰当枢轴量的重要性. 使用枢轴量最好的做法往往是基于 $(\hat{\theta}^* - \hat{\theta})/\hat{\sigma}^*$ 的 Bootstrap 分布进行假设检验, 其中 $\hat{\sigma}^*$ 为 $\hat{\theta}^*$ 的标准差的一个不错的估计值, $\hat{\theta}^*$ 是由一个 Bootstrap 伪数据集计算得到的. 这种枢轴量方法通常优于根据 $(\hat{\theta}^* - \hat{\theta})/\hat{\sigma}$, $(\hat{\theta}^* - \theta_0)/\hat{\sigma}$, $\hat{\theta}^* - \hat{\theta}$ 或者 $\hat{\theta}^* - \theta_0$ 的 Bootstrap 分布进行假设检验的方法, 其中 $\hat{\sigma}$ 为 $\hat{\theta}$ 标准差的由原始数据集计算得到的估计.

9.4 缩减 Monte Carlo 误差

9.4.1 平衡 Bootstrap

考虑一个样本均值的 Bootstrap 偏差的修正. 因为 $\bar{\boldsymbol{X}}$ 是真实均值 $\boldsymbol{\mu}$ 的无偏估计, 这时偏差的修正值应该等于 0. 现有, $R(\mathcal{X}, F) = \bar{\boldsymbol{X}} - \boldsymbol{\mu}$, 且其对应的 Bootstrap 值为 $R(\mathcal{X}_j^*, \widehat{F}) = \bar{\boldsymbol{X}}_j^* - \bar{\boldsymbol{X}}$, 其中 $j = 1, \cdots, B$. 尽管 $\bar{\boldsymbol{X}}$ 是无偏的, 随机选择的伪数据集不可能得到一个均值正好为 0 的 $R(\mathcal{X}^*, \widehat{F})$ 值的集合. 在此情况下, 一般的 Bootstrap 方法出现了不必要的 Monte Carlo 变差.

然而, 如果每个数据值出现在 Bootstrap 伪数据集的联合集合中的频率与在观测数据中的相同, 则 Bootstrap 偏差的估计 $\frac{1}{B}\sum\limits_{j=1}^{R} R(\mathcal{X}_j^*, \widehat{F})$ 一定等于 0. 通过这种方式平衡 Bootstrap 数据, 潜在的 Monte Carlo 误差出现的根源就被去除了.

达到平衡的最简单方法是连接观测值的 B 个副本, 随机排列这些序列, 并且依次读入 B 组大小为 n 的数据. 第 j 组数据作为 $\mathcal{X}_j^*$. 这种方法即为*平衡 Bootstrap 方法*——有时也称为*排列 Bootstrap 方法* [123]. 当前还有很多改进的平衡算法 [223], 而其他一些缩减 Monte Carlo 误差的方法可能更容易或者更有效 [159].

9.4.2　反向 Bootstrap 方法

一元数据样本, $x_1, \cdots, x_n$, 按大小顺序排列后, 定义为 $x_{(1)}, \cdots, x_{(n)}$, 其中 $x_{(i)}$ 为第 i 个次序统计量的值 (即, 第 i 小的数据值). 令 $\pi(i) = n - i + 1$ 为次序统计量反方向排序的算子. 则对每一个 Bootstrap 数据集 $\mathcal{X}^* = \{X_1^*, \cdots, X_n^*\}$, 令 $\mathcal{X}^{**} = \{X_1^{**}, \cdots, X_n^{**}\}$ 为 $\mathcal{X}^*$ 中的每一个 $X_{(i)}$ 替换成 $X_{(\pi(i))}$ 而获得的数据集. 因此, 例如, 如果 $\mathcal{X}^*$ 中较大的观测值占主导地位, 则在 $\mathcal{X}^{**}$ 中较小的观测值将占据主导地位.

用这种方法, 每一个 Bootstrap 抽样可给出两个估计: $R(\mathcal{X}^*, \widehat{F})$ 和 $R(\mathcal{X}^{**}, \widehat{F})$. 这两个估计常常是负相关的. 例如, 如果在样本均值中 R 是单调统计量, 则这两个估计可能是负相关的 [349].

令 $R_a(\mathcal{X}^*, \widehat{F}) = \frac{1}{2}(R(\mathcal{X}^*, \widehat{F}) + R(\mathcal{X}^{**}, \widehat{F}))$. 则 R_a 有所需的性质, 即如果协方差为负, 那么所估计的感兴趣的量的方差为

$$\begin{aligned}\mathrm{var}\{R_a(\mathcal{X}^*, \widehat{F})\} &= \frac{1}{4}(\mathrm{var}\{R(\mathcal{X}^*, \widehat{F})\} + \mathrm{var}\{R(\mathcal{X}^{**}, \widehat{F})\} \\ &\quad + 2\mathrm{cov}\{R(\mathcal{X}^*, \widehat{F}), R(\mathcal{X}^{**}, \widehat{F})\}) \\ &\leqslant \mathrm{var}\{R(\mathcal{X}^*, \widehat{F})\}. \end{aligned} \tag{9.22}$$

还有一些巧妙的方法可用来建立多元数据排序, 从而也可使用反向 Bootstrap 方法 [257].

9.5　Bootstrap 方法的其他用途

将 $\mathcal{X}^*$ 看作分布 $\widehat{F}$ 的一个随机样本, $\widehat{F}$ 中含有未知参数 $\widehat{\theta}$, Bootstrap 原则可看作近似似然函数的工具. *Bootstrap 似然*是与经验似然密切联系的一种方法. 通过给似然成分随机加权的方法, 我们可得到一种 Bayes Bootstrap 方法 [469]. 这种方法的进一步推广称为*加权似然* Bootstrap 方法, 它是一种在某些困难的情况下近似似然曲面的有效工具 [414].

Bootstrap 方法通常用于评价一个估计的统计精度以及准确性. *Bootstrap 聚集*方法, 或者*打包*方法, 用 Bootstrap 方法提高本身的估计 [57]. 假设 $R(\mathcal{X}, F)$ 是一个使用 Bootstrap 方法抽样的量, 并且仅通过 $\boldsymbol{\theta}$ 依赖于 F. 于是我们有, $R(\mathcal{X}, \boldsymbol{\theta})$ 的 Bootstrap 值为 $R(\mathcal{X}^*, \widehat{\boldsymbol{\theta}})$. 在有些情况中, $\boldsymbol{\theta}$ 是执行一次模型模拟的结果, 其中模型

是不确定或不稳定的. 例如, 分类和回归树, 神经网络以及线性回归中的子集选择等这些依赖于模型的问题, 当数据发生微小变化时, 它们的模型形式可能发生很大变化.

这时, 预测或者估计中变差的主要来源可能来自于模型形式. 打包方法是用 $\bar{\boldsymbol{\theta}}^* = \frac{1}{B}\sum_{j=1}^{B}\widehat{\boldsymbol{\theta}}_j^*$ 代替 $\widehat{\boldsymbol{\theta}}$, 其中 $\widehat{\boldsymbol{\theta}}_j^*$ 为第 j 个 Bootstrap 伪数据集得到的参数估计. 由于每个 Bootstrap 伪数据集表示原始数据的一种扰动形式, 拟合每个伪数据集的模型在形式上可能变化非常大. 因此 $\bar{\boldsymbol{\theta}}^*$ 提供了某种模型平均的效果, 从而当扰动数据可能给 $\widehat{\boldsymbol{\theta}}$ 带来很大改变时, 可减少估计的均方误差. 模型平均化思想的回顾可参见 [289].

另一个相关的方法称为 *模型参数的* Bootstrap *伞*或者 *凸点*方法 [536]. 使用打包方法处理问题时, 注意到用打包后得到的估计均值作为估计的模型并不总与拟合数据的模型同类. 如, 分类树的均值就不是分类树. 凸点方法则不存在这一问题.

假设 $h(\boldsymbol{\theta}, \mathcal{X})$ 是对应估计的某个目标函数, 该目标函数的意思是说 h 的值越大其所对应的 θ 就与 $\mathcal{X}$ 更加一致. 例如, h 可以是对数似然函数. 凸点方法通过 $\widehat{\boldsymbol{\theta}}_j^* = \arg\max_{\boldsymbol{\theta}} h(\boldsymbol{\theta}, \mathcal{X}_j^*)$ 生成 Bootstrap 伪数据集. 原始数据集包含在 Bootstrap 伪数据集之中, 并且 $\boldsymbol{\theta}$ 的最终估计为最大化 $h(\boldsymbol{\theta}, \mathcal{X})$ 的 $\widehat{\boldsymbol{\theta}}_j$. 因此, 凸点方法可看作是一种为寻找产生好估计的模型而搜索整个模型空间 (或者将其参数化) 的方法.

9.6 Bootstrap 近似的阶

本章给出的所有 Bootstrap 方法依赖的一个原则就是 Bootstrap 分布应该与我们感兴趣的量的真实分布近似. 标准参数方法, 如 t- 检验以及对数似然比与 χ^2 分布的比较都依赖于分布近似.

我们已经讨论了在相关数据中不能使用 Bootstrap 近似的情况. 比如, 考虑用 Bootstrap 方法得到样本均值作为某个平稳时间序列均值的估计, 其中时间序列在延迟时刻 l 的自相关系数为 ρ_l. 于是 $\bar{X}$ 的方差为 $\frac{\sigma^2}{n}\left[1+2\sum_{l=1}^{n-1}\left(1-\frac{l}{n}\right)\rho_l\right]$, 而一般 Bootstrap 均值 $\bar{X}^*$ 的方差约为 σ^2/n. 这两个量经常相差很多. 这种情况下不能用一般的 Bootstrap 方法的原因在于再抽样破坏了原始数据中的相关结构. [122, 159, 344, 352, 518] 讨论了 Bootstrap 方法如何应用于相关数据. Bootstrap 方法也不能用来估计极值. 例如, Bootstrap 样本最大值可能得到非常糟糕的结果; 详见 [122]. 最后, Bootstrap 方法还不能用于厚尾分布. 此时, Bootstrap 抽样的异常点出现得过于频繁.

关于 Bootstrap 方法的相合性和收敛速率有非常重要的极限理论, 由此我们可以给出 Bootstrap 形式化的近似阶. 这些结论超出了本书讨论的范围, 下面我们只

介绍一些主要的想法.

Glivenko-Cantelli 定理 [401] 指出当 $n \to \infty$ 时, $P\left[\sup_{\boldsymbol{x}} |\widehat{F}(\boldsymbol{x}) - F(\boldsymbol{x})| \to 0\right] = 1$. 因此当 T 是光滑函数时, 显然有 $T(\widehat{F}) \to T(F)$. 正式的定理在 [497] 中给出. 本章主要考虑 plug-in 估计, 即由 $T(\widehat{F})$ 估计 $T(F)$. 即使对于形式上稍有不同的估计, 记为 $T_n(\widehat{F})$, Bootstrap 方法通常还是可用的, 只要以一定的速率 $T_n \to T$. 例如, 一般的样本方差统计量相比 plug-in 估计差一个因子 $n/(n-1)$. 然而, 由于样本方差是总体方差的无偏且相合估计, 因此它仍是一个可用 Bootstrap 方法的合理估计.

更一般地, 考虑一个合理的包含 F 的分布函数空间, 并且令 $\mathcal{N}_F$ 为 F 的邻域, F 以概率 1 最终落入邻域. 如果标准化的 $R(\mathcal{X}, G)$ 分布是一致弱收敛的, 其中 $\mathcal{X}$ 的元素抽取自 $G \in \mathcal{N}_F$, 并且如果从 G 到对应的 R 的极限分布是连续的, 则 Bootstrap 是相合的 [122]. 所谓一致意味着对于任意 ϵ 和 q, 当 $n \to \infty$ 时,

$$P^*\left[|P[R(\mathcal{X}^*, \widehat{F}) \leqslant q] - P[R(\mathcal{X}, F) \leqslant q]| > \epsilon\right] \to 0.$$

我们可用 Edgeworth 展开来衡量收敛率 [258]. 当 $R(\mathcal{X}, F)$ 构造为渐进枢轴量时, Bootstrap 的一般收敛率为 $P^*[R(\mathcal{X}^*, \widehat{F}) \leqslant q] - P[R(\mathcal{X}, F) \leqslant q] = \mathcal{O}_p\left(n^{-1}\right)$. 若没有枢轴化, 收敛率一般仅为 $\mathcal{O}_p(n^{-1/2})$. 换言之, 用基本的、未枢轴化的分位点方法得到的单边置信区间的覆盖率的精度为 $\mathcal{O}(n^{-1/2})$, 而用 BC_a 和 Bootstrap t 方法得到的精度为 $\mathcal{O}(n^{-1})$. 对于双边置信区间, 有三种方法可以达到精度 $\mathcal{O}(n^{-1})$. 使用嵌套 Bootstrap 方法提高精度主要依靠的是原始区间的精度和区间的类型: 对于一个双边, 等尾的区间, 嵌套 Bootstrap 方法可将覆盖率误差从 $\mathcal{O}(n^{-1})$ 降至 $\mathcal{O}(n^{-2})$. 这些收敛结果对大部分常见的推断问题都适用, 其中包括样本矩的光滑函数的估计以及光滑极大似然函数的解等问题. 用 BC_a, 嵌套 Bootstrap, 以及其他改进的 Bootstrap 方法提高收敛率的讨论在 [122, 159] 中给出. 进一步的理论研究参见 [41, 258, 501].

9.7 置换检验

除 Bootstrap 外, 还有一些其他重要的技术, 它们同样基于试验获得的观测数据集来做出统计推断. 这些技术中最重要的一项可能就是传统的置换检验了, 其历史可追溯到 Fisher [170] 和 Pitman [433, 434] 的时代. 关于置换检验的综合介绍见 [150, 240, 372]. 而其基本方法很容易通过一个假设检验的例子给予说明.

例 9.9 (相互独立的两组均值的比较) 一个医学实验中, 作为实验对象的老鼠被随机分成治疗组和对照组. 观测值 X_i 是对 i 只老鼠的测量值. 在原假设下, 观测值与老鼠是否属于治疗组或是对照组无关. 在备择假设下, 对属于治疗组的老鼠的观测值应比较大.

检验统计量 T 用来测量两个组观测值的差别. 比如, T 可为两个组观测值均值的差, 对于已经观测到的数据集, T 的取值为 t_1.

在原假设下, 给老鼠个体贴上标签 "治疗组" 或 "对照组" 是没有意义的, 因为这不会影响最后观测的结果. 由于这样做没有意义, 我们可以随机给老鼠换标签而不改变数据的联合零分布. 而重换标签可以创建一个新的数据集: 虽然我们得到原始观测的一组值, 然而重新分配后得到的不同的治疗组和对照组又会带来新的结果. 由于实验是随机分配的, 因此每个置换数据集被观测到的可能性与实际数据被观测到的可能性相同.

令 t_2 是从第一次置换标签得到的数据集中计算出的检验统计量的值. 假设对所有的 M 种可能的标签置换 (或者是大量的随机选择的置换) 计算检验统计量的值, 从而得到 $t_2, \cdots, t_M$.

在原假设下, 产生 $t_2, \cdots, t_M$ 的分布与产生 t_1 的分布相同. 因此, t_1 可以与 $t_2, \cdots, t_M$ 的经验分位数比较来检验假设或者构造置信限. □

为更严格地说明这种方法, 假设一个检验统计量 T 的观测值为 t, 在原假设下其密度函数为 f. 假设 T 值很大表示原假设错误. Monte Carlo 假设检验从 f 中抽取一个容量为 $M-1$ 的 T 的随机样本. 如果观测值 t 为所有 M 个值中第 k 大的值, 则在显著性水平 k/M 下, 拒绝原假设. 如果检验统计量的分布是离散的, 则需要一定的节点处理方法. Barnard [20] 就是以上述方式给出的置换检验; 关于置换检验的进一步展开参见 [32, 33].

目前有很多从检验统计量的零分布抽样的方法. 例 9.9 中的置换方法之所以有效, 原因在于, 在原假设下 "治疗组" 和 "对照组" 的标签没有实际意义, 可以完全随机分配并且与所得结果独立. 这种简单的置换方法可被推广应用到多种更复杂的情况. 而在任何情况下, 置换检验都在很大程度上依赖可交换的条件. 如果不论观测值的顺序如何, 任一特定的联合输出结果的概率都是相同的, 则称数据可交换.

相比 Bootstrap 方法, 置换检验存在两个优势. 首先, 如果置换数据产生的偏差是随机分配的, 则所得 p- 值是精确的 (如果考虑到所有置换). 对于这样的试验, 此方法通常被称为*随机化检验*. 反之, 标准的参数方法和 Bootstrap 方法是建立在渐近理论基础上的, 这对大容量的样本很有意义. 其次, 置换检验与 Bootstrap 相比往往有更大的势. 然而, 置换检验是一种专门用来比较分布的工具, 而 Bootstrap 检验的是关于参数的假设, 因此后者需要的条件没有那么严格同时有着更大的灵活性. 相比置换检验给出的纯粹的 p- 值, Bootstrap 方法可给出更可靠的置信区间和标准误差. 而置换分布中观测的标准差并不是一个可靠的标准误差估计. 其他关于选择置换检验或者 Bootstrap 方法的指导参见 [159, 240, 241].

问　　题

9.1 令 $X_1, \cdots, X_n \sim$ i.i.d. Bernoulli (θ). 定义 $R(\mathcal{X}, F) = \bar{X} - \theta$ 以及 $R^* = R(\mathcal{X}^*, \widehat{F})$, 其中 $\mathcal{X}^*$ 是一个 Bootstrap 伪数据集, $\widehat{F}$ 是数据的经验分布. 求出精确的 $\mathrm{E}^*\{R^*\}$ 和 $\mathrm{var}^*\{R^*\}$.

9.2 假设 $\theta = g(\mu)$, 其中 g 是一个光滑函数并且 μ 是产生数据的分布的均值. 考虑 Bootstrap $R(\mathcal{X}, F) = g(\bar{X}) - g(\mu)$.

(a) 证明 $\mathrm{E}^*\{\bar{X}^*\} = \bar{x}$ 且 $\mathrm{var}^*\{\bar{X}^*\} = \widehat{\mu}_2/n$, 其中 $\widehat{\mu}_k = \sum\limits_{i=1}^{n}(x_i - \bar{x})^k$.

(b) 利用 Taylor 展开证明

$$\mathrm{E}^*\{R(\mathcal{X}^*, \widehat{F})\} = \frac{g''(\bar{x})\widehat{\mu}_2}{2n} + \frac{g'''(\bar{x})\widehat{\mu}_3}{6n^2} + \cdots$$

和

$$\mathrm{var}^*\{R(\mathcal{X}^*, \widehat{F})\} = \frac{g'(\bar{x})^2\widehat{\mu}_2}{n} - \frac{g''(\bar{x})^2}{4n^2}\left(\widehat{\mu}_2 - \frac{\widehat{\mu}_4}{n}\right) + \cdots.$$

9.3 对于 9.3.2 节第 1 部分中的 BC_a, 说明选择 b 的理由.

9.4 表 9.3 给出了一个鲑鱼种群 40 年的新生幼鱼和产卵雌鱼的数量. 产卵雌鱼是指将要产卵的鱼. 产卵雌鱼在产卵后死去.

表 9.3　40 年的鱼群数据: 新生幼鱼的数量 (R) 和产卵雌鱼的数量 (S)

R	S	R	S	R	S	R	S
68	56	222	351	311	412	244	265
77	62	205	282	166	176	222	301
299	445	233	310	248	313	195	234
220	279	228	266	161	162	203	229
142	138	188	256	226	368	210	270
287	428	132	144	67	54	275	478
276	319	285	447	201	214	286	419
115	102	188	186	267	429	275	490
64	51	224	389	121	115	304	430
206	289	121	113	301	407	214	235

刻画新生幼鱼和产卵雌鱼数量关系的经典 Beverton-Holt 模型可以表述如下

$$R = \frac{1}{\beta_1 + \beta_2/S}, \quad \beta_1 \geqslant 0, \beta_2 \geqslant 0,$$

其中 R 和 S 分别为新生幼鱼和产卵雌鱼的数量 [40]. 此模型可用变换后的变量 $1/R$ 和 $1/S$ 的线性回归来拟合.

考虑一个维持鱼群可持续发展的问题. 鱼群总体的丰度仅在 $R = S$ 时才能达到稳定. 如果新生幼鱼的数量少于产卵雌鱼产卵后死掉的数量, 则总体数量减少. 如果新生幼鱼过多, 总体数量最终也会减少, 这是由于鱼群不能获得足够的食物. 因此, 只有新生

幼鱼的数量达到某个中等水平才能够保证维持总体数量在一个稳定的状态. 这个稳定的总体水平出现在 45° 直线与 R 和 S 对应曲线的交点处.

(a) 拟合 Beverton-Holt 模型, 并寻找稳定总体水平在 $R=S$ 处的点估计. 利用 Bootstrap 方法获得一个与你的估计对应的 95% 的置信区间和标准误差, 要求使用两种方法: Bootstrap 残差以及 Bootstrap 观测. 画出每个 Bootstrap 分布的直方图, 并说明所得结果之间的区别.

(b) 给出一个偏差修正的估计以及该修正估计对应的标准误差.

(c) 利用嵌套 Bootstrap 寻找稳定点的 95% 的置信区间.

9.5 利用抗坏血酸治疗胃癌及乳腺癌晚期患者以延长其生存时间 [76]. 表 9.4 给出的是生存时间 (天数). 使用数据时, 数据取对数.

表 9.4 两种类型癌症晚期患者的生存时间 (天数)

胃癌	25	42	45	46	51	103	124
	146	340	396	412	876	1 112	
乳腺癌	24	40	719	727	791	1 166	1 235
	1 581	1 804	3 460	3 808			

(a) 利用 Bootstrap t 和 BC_a 方法构造每组患者生存时间均值的 95% 置信区间.

(b) 利用置换检验方法检验两组患者的生存时间均值没有差别的假设.

(c) 对于已经计算得到 (a) 中的一个可靠置信区间, 我们再来研究其中一些可能失误的地方. 对乳腺癌生存时间均值构造一个 95% 的置信区间, 可以采用一般的 Bootstrap 方法, 数据取对数并且将得到的区间边界的结果再作指数变换. 对于原始数据应用一般的 Bootstrap 方法对乳腺癌生存时间均值构造另一个 95% 的置信区间. 将这两个置信区间与 (a) 中的置信区间作比较.

9.6 用估计一个标准 Cauchy 分布均值的问题说明 Bootstrap 方法不能用于厚尾分布. 用估计 $\mathrm{Unif}(0,\theta)$ 分布的参数 θ 的问题说明 Bootstrap 方法不能用于极值.

9.7 自己设计一个问题进行模拟试验, 比较分位数方法、BC_a 方法以及 Bootstrap t 方法的覆盖率和 95% 的 Bootstrap 置信区间的长度. 讨论所得结果.

第 10 章 非参密度估计

本章考虑用来自于密度函数 f 的独立随机变量 $\boldsymbol{X}_1, \cdots, \boldsymbol{X}_n$ 的一组观测对 f 进行估计. 本章首先关注单变量密度估计. 10.4 节将介绍一些多变量密度函数估计的方法.

在探索性数据分析中, 密度函数估计常用来估计多峰性、偏度、尾部行为等. 在推断中, 密度估计对作决策、分类和汇总 Bayes 后验也很有帮助. 密度估计也是一个很好的表示工具, 这是因为它对分布提供了一个简洁美观的汇总. 最后, 密度估计也可作为其他计算方法的工具, 包括一些模拟算法和 MCMC 方法. 关于密度估计的综合性专著包括 [492,507,553].

密度估计问题的参数解首先假设一个参数模型, $\boldsymbol{X}_1, \cdots, \boldsymbol{X}_n \sim$ i.i.d. $f_{\boldsymbol{X}|\boldsymbol{\theta}}$, 其中 $\boldsymbol{\theta}$ 是低维参数向量. 参数估计 $\hat{\boldsymbol{\theta}}$ 可通过一些估计方法得到, 如极大似然、Bayes 或矩方法估计. 在 $\boldsymbol{x}$ 点处导出的密度估计是 $f_{\boldsymbol{X}|\boldsymbol{\theta}}(\boldsymbol{x}|\hat{\boldsymbol{\theta}})$. 该方法的危险性在于起点: 依赖于一个不正确的模型 $f_{\boldsymbol{X}|\boldsymbol{\theta}}$ 可能导致严重的推断错误, 不管由模型生成 $\hat{\boldsymbol{\theta}}$ 时使用的估计方法如何.

本章主要讨论密度估计的非参方法, 其对 f 形式的假设很少. 这些方法主要用局部信息在 $\boldsymbol{x}$ 点处来估计 f. 关于为什么称估计量是非参的, 在 [492,532] 中有更加准确的观点.

一类常见的非参密度估计是直方图, 它是一种分段常数的密度估计. 多数软件包都可自动生成. 人们例行地使用直方图, 以致很少考虑其背后的复杂性. 位置、宽度及柱子个数的最优选择都要基于复杂的理论分析.

另一类基本的密度估计可通过考虑密度函数如何将概率分配到各区间上而受到启发. 现观测到一数据点 $X_i = x_1$, 如果 f 足够光滑, 我们假设 f 将某概率不但赋予 x_i 点, 而且赋予 x_i 周围的一个区域. 因此, 要从 $X_1, \cdots, X_n \sim$ i.i.d.f 估计 f, 将 X_i 周围区域的概率密度累加起来是合理的.

具体来说, 要估计 x 点的密度, 假设我们考虑以 x 为中心, 宽度为 $dx = 2h$ 的区域, 其中 h 是某固定值. 那么落入区间 $\gamma = [x-h, x+h]$ 的观测的比例显示了 x 处的密度. 更精确地, 我们取 $\widehat{f(x)\mathrm{d}x} = \frac{1}{n}\sum\limits_{i=1}^{n} 1_{\{|x-X_i|<h\}}$, 即

$$\hat{f}(x) = \frac{1}{2hn}\sum_{i=1}^{n} 1_{\{|x-X_i|<h\}}, \tag{10.1}$$

其中当 A 为真时 $1_{\{A\}=1}$, 否则为 0.

令 $N_\gamma(h,n)=\sum_{i=1}^{n}1_{\{|x-X_i|<h\}}$ 表示落入区间 γ 的样本点的个数. 那么 N_γ 就是 $\mathrm{Bin}(n,p(\gamma))$ 随机变量, 其中 $p(\gamma)=\int_{x-h}^{x+h}f(t)\mathrm{d}t$. 因此 $\mathrm{E}\{N_\gamma/n\}=p(\gamma),\mathrm{Var}\{N_\gamma/n\}=p(\gamma)(1-p(\gamma))/n$. 若要 (10.1) 式是一个合理的估计量, 显然 nh 要随 N_γ 的增加而增加. 但是更精确地, 我们可以分别考虑 n 和 h 的要求. 用落入区间 γ 的点的比例来估计 f 分给 γ 的概率. 为近似 x 的密度, 我们必须令 $h\to 0$ 来收缩 γ. 于是 $\lim\limits_{h\to 0}\mathrm{E}\{\hat{f}(x)\}=\lim\limits_{h\to 0}\frac{p(\gamma)}{2h}=f(x)$. 同时由于 $n\to\infty$ 时 $\mathrm{var}\{\hat{f}(x)\}\to 0$, 所以我们需要增加总样本数. 因此 (10.1) 式中估计量 $\hat{f}$ 逐点相容的基本要求是当 $n\to\infty$ 时 $nh\to\infty, h\to 0$. 以后我们会看到, 这些要求在更一般的意义下也是成立的.

10.1 绩效度量

为更好地理解密度估计量的好坏, 我们必须首先考虑如何评价密度估计量的性质. 令 $\hat{f}$ 表示给定常数 h 时 f 的估计量, 该 h 用来控制构造 $\hat{f}$ 时概率密度贡献的局部程度. 小的 h 表示 $\hat{f}(x)$ 应该更多地依赖 x 附近观测的数据点, 而大的 h 表示远的数据和 x 附近的观测有几乎相等的权重.

$\hat{f}$ 作为整个支撑区域上 f 的估计量, 要评价其好坏, 应用*积分平方误差*

$$\mathrm{ISE}(h)=\int_{-\infty}^{\infty}\left(\hat{f}(x)-f(x)\right)^2\mathrm{d}x. \tag{10.2}$$

注意, $\mathrm{ISE}(h)$ 通过 $\hat{f}(x)$ 是观测数据的函数. 因此它在观测样本的条件下总结了 $\hat{f}$ 的表现. 在不考虑特殊观测样本的情况下, 如果我们想讨论估计量的一般性质, 那么在所有可能观测的样本上对 $\mathrm{ISE}(h)$ 进行平均是比较合理的. *积分均方误差*是

$$\mathrm{MISE}(h)=\mathrm{E}\{\mathrm{ISE}(h)\}, \tag{10.3}$$

其中期望是关于分布 f 的. 因此 $\mathrm{MISE}(h)$ 可看成是误差 (即 $\mathrm{ISE}(h)$) 关于抽样密度的整体度量的平均值. 又由期望和积分的可交换性,

$$\mathrm{MISE}(h)=\int\mathrm{MSE}_h(\hat{f}(x))\mathrm{d}x, \tag{10.4}$$

其中

$$\mathrm{MSE}_h(\hat{f}(x))=\mathrm{E}\{(\hat{f}(x)-f(x))^2\}=\mathrm{var}\{\hat{f}(x)\}+(\mathrm{bias}\{\hat{f}(x)\})^2 \tag{10.5}$$

且 $\mathrm{bias}\{\hat{f}(x)\}=\mathrm{E}\{\hat{f}(x)\}-f(x)$. 等式 (10.4) 表明 $\mathrm{MISE}(h)$ 可看成是在每点 x 处对局部均方误差进行累积.

对多元密度估计, ISE(h) 和 MISE(h) 可类似定义. 具体来说, ISE(h) $= \int [\hat{f}(x) - f(x)]^2 \mathrm{d}x$, MISE($h$) $= \mathrm{E}\{\mathrm{ISE}(h)\}$.

MISE(h) 和 ISE(h) 都是度量估计 $\hat{f}$ 质量的, 而且每个都可用来研究选择 h 值的准则. 关于这两个方法的好坏一直是争论的一个焦点 [249,260,313]. 损失和风险这两个统计概念之间的区别是关键的. 使用 ISE(h) 从概念上来说是很好的, 因为它用观测数据来评价估计量的表现. 然而, MISE(h) 是一种基于 ISE 评价的近似同时又是反应在许多数据集平均意义上寻找最优表现这一目标的有效方式. 在下面的章节中, 这两种方法都会遇到.

虽然为了简单和出于习惯, 我们只关注基于平方误差的表现准则, 但是平方误差并不是唯一的合理选择. 比如, 用 L_1 范数 $\int |\hat{f}(x) - f(x)| \mathrm{d}x$ 及其相应的期望替换积分平方误差和 MISE(h) 也是有很多合理理由的. 特别地, L_1 范数在单调连续的尺度变换下是不变的. L_1 这种与尺度无关的性质使它成为 $\hat{f}$ 和 f 靠近程度的一种整体度量. Devroye 和 Györfi 研究了用 L_1 进行密度估计的理论, 并提出该方法的其他优点 [138,139]. 原则上, 估计量的最优性依赖于评价表现所采用的尺度. 因此采用不同的尺度支持不同类型的估计量. 然而实际上, 除尺度外很多其他因素一般也会影响密度估计的质量.

10.2 核密度估计

方程 (10.1) 中给出的密度估计把 x 附近 h 范围内的所有点施以同样的权重. 一元**核密度估计**允许更加灵活的加权方案, 即拟合

$$\hat{f}(x) = \frac{1}{nh} \sum_{i=1}^{n} K\left(\frac{x - X_i}{h}\right), \tag{10.6}$$

其中 K 是**核函数**, h 为固定值, 通常称为**窗宽**.

根据 X_i 和 x 的接近程度, 核函数把每个 X_i 对核密度估计 $\hat{f}(x)$ 的贡献给出权重. 通常, 核函数处处为正且关于零点对称. K 通常表示密度, 如正态或学生 t 密度. 其他一般的选择包括三权重 (triweight) 核和艾氏 (Epanechnikov) 核 (见 10.2.2 节), 它们和我们熟悉的密度并不一致. 注意, 一元均匀核, 即 $K(z) = \frac{1}{2} 1_{\{|z|<1\}}$, 产生 (10.1) 中给出的估计量. 限制 K 满足 $\int z^2 K(z) \mathrm{d}z = 1$ 可使 h 具有密度 K 的尺度参数的作用, 但这不是必须的.

图 10.1 阐明了如何从四个一元观测, $x_1, \cdots, x_4$ 的样本构造核密度估计. 以每个观测数据点为中心是一个尺度核, 本例中即为正态密度函数除以 4. 这些贡献用虚线来表示. 各贡献相加就得到实线表示的估计 $\hat{f}$.

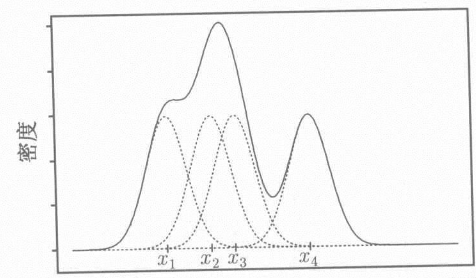


图 10.1 正态核密度估计 (实线) 及样本 $x_1, \cdots, x_4$ 的核贡献 (虚线). 任意 x 的核密度估计是以每个 x_i 为中心的核贡献之和

精确地讲, (10.6) 的估计量称为**固定窗宽核密度估计**, 因为 h 是常数. 窗宽值的选择对估计量 $\hat{f}$ 有很大影响. 如果 h 太小, 那么密度估计偏向于把概率密度分配得太局限于观测数据附近, 致使估计密度函数有很多错误的峰值. 如果 h 太大, 那么密度估计就把概率密度贡献散得太开. 在很大的邻域里求平均会因光滑而遗失掉 f 的一些重要特征.

注意, 根据大小为 n 的一组样本在每个观测样本点都计算核密度估计需要对 K 进行 $n(n-1)$ 次计算. 因此, $\hat{f}$ 的计算量随 n 的增加而迅速增加. 然而对多数实际问题, 如对密度作图, 就不必在每个点 X_i 上计算估计. 实际的方法是在 x 值的格子点上计算 $\hat{f}(x)$, 然后在格子点间线性内插. 几百个值的格子点通常足够使 $\hat{f}$ 的图形看上去比较光滑了. 计算核密度估计一个更快更近似的方法是把数据先合并成几组, 然后把每个值四舍五入到最近组的中心 [274]. 这样, 核只需要在每个非空组的中心计算就行了, 其中密度贡献用每组的计数来加权. 这样当 n 非常大以致难以计算每个以 X_i 为中心对 $\hat{f}$ 的单独贡献时, 可大大减少计算时间.

10.2.1 窗宽的选择

窗宽参数控制密度估计的光滑度. 由 (10.4) 和 (10.5) 我们看到, MISE(h) 等于积分均方误差. 这表明窗宽的选择是 $\hat{f}$ 的偏差和方差之间的一个折衷. 这种折衷几乎是所有模型选择中普遍存在的问题, 包括回归、密度估计和光滑技术 (见第 11, 12 章). 小窗宽得到的密度估计会有很多摆动, 这表明由于不够光滑而产生了高度变异. 大窗宽会光滑掉 f 很多重要的特征, 因此会有偏差.

例 10.1 (双峰密度) 窗宽的效果见图 10.2. 该直方图画的是来自于 $\mathrm{N}(4,1^2)$ 和 $\mathrm{N}(9,2^2)$ 两密度等权重混合的 100 个点的样本. 采用标准正态核的三个密度估计同时也附在图中, 其中 $h = 1.875$(虚线), $h = 0.625$(粗线), $h = 0.3$(实线). 窗宽 $h = 1.875$ 显然太大, 因为它产生一个过度光滑的密度估计, 不能显示出 f 的双峰来. 另一方面, $h = 0.3$ 的窗宽又太小, 故其不够光滑. 密度估计波动太厉害, 出现很多错误的峰值. 窗宽 $h = 0.625$ 是恰当的, 正确地表示了 f 的主要特征又抑制了抽

样变异性的众多影响. □

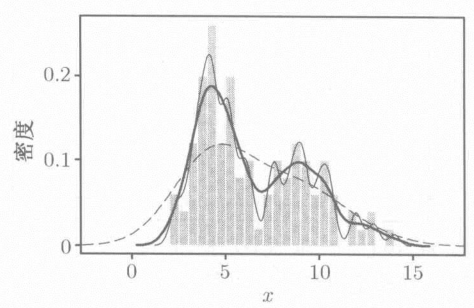


图 10.2 来自例 10.1 中双峰分布的 100 个数据点的直方图及三个正态核密度估计. 估计分别对应于窗宽 $h = 1.875$(虚线), $h = 0.625$(粗线) 和 $h = 0.3$(实线)

接下来的几节将讨论选择 h 的几种方法. 当密度估计主要用作探索性数据分析时, 基于目测的跨度选择也是可以的, 而且导致最终选择的这一试错过程本身也可能对密度估计中观测到的特征的稳定性有更深入的了解. 实际上, 我们只需对 h 试一串值, 然后选一个能足以超过某阈值的值, 其中比阈值更小的窗宽使得密度估计的特征变得不稳定或者密度估计呈现明显的局部摆动以致未必表示 f 的峰值. 虽然密度估计对窗宽的选择是敏感的, 但需要强调的是在任何应用中都有不止一种正确选择. 实际上, 相互在 10%～20% 范围内的窗宽从定性上常常会得出相似的结果.

希望有一个相对更正规的窗宽选择程序的情况也时有发生: 如对自动算法, 对数据分析初学者或在很大程度上对客观性或形式有要求时. 文献 [316] 在方法上给出了全面的综述; 其他比较好的综述包括 [27,77,315,426,492,502,507].

要理解窗宽的选择, 进一步分析 MISE(h) 是有必要的. 假设 K 是对称连续的概率密度函数, 均值为零, 方差 $0 < \sigma_K^2 < \infty$. 令 $R(g)$ 表示给定函数 g 的粗糙度的度量, 定义为

$$R(g) = \int g^2(z)\mathrm{d}z. \tag{10.7}$$

然后假设 $R(K) < \infty$ 且 f 足够光滑. 本节中, 这就意味着 f 有二阶有界连续导数且 $R(f'') < \infty$; 对以后讨论的某些方法还要求有高阶光滑导数. 注意

$$\mathrm{MISE}(h) = \int \mathrm{MSE}_h(\hat{f}(x))\mathrm{d}x = \int \mathrm{var}\{\hat{f}(x)\} + \left(\mathrm{bias}\{\hat{f}(x)\}\right)^2 \mathrm{d}x. \tag{10.8}$$

允许当 $n \to \infty$ 时 $nh \to \infty, h \to 0$, 我们将进一步分析该表达式.

要计算 (10.8) 中的偏差项, 注意到应用变量变换有

$$\begin{aligned}\mathrm{E}\{\hat{f}(x)\} &= \frac{1}{h}\int K\left(\frac{x-u}{h}\right) f(u)\mathrm{d}u \\ &= \int K(t) f(x-ht)\mathrm{d}t. \end{aligned}\tag{10.9}$$

然后在 (10.9) 中用 Taylor 级数展开

$$f(x-ht)=f(x)-htf^{'}(x)+h^2t^2f^{''}(x)/2+o(h^2), \tag{10.10}$$

替换并注意到 K 关于零点对称可得

$$\mathrm{E}\{\hat{f}(x)\}=f(x)+h^2\sigma_K^2 f^{''}(x)/2+o(h^2), \tag{10.11}$$

其中 $o(h^2)$ 是当 $h\to 0$ 时趋向于零比 h^2 速度更快的一个量. 因此

$$\left(\mathrm{bias}\{\hat{f}(x)\}\right)^2=h^4\sigma_K^4[f^{''}(x)]^2/4+o(h^4), \tag{10.12}$$

且该表达式对 x 积分可得

$$\int\left(\mathrm{bias}\{\hat{f}(x)\}\right)^2\mathrm{d}x=h^4\sigma_K^4R(f^{''})/4+o(h^4). \tag{10.13}$$

计算 (10.8) 中的方差项可采用类似的方法:

$$\begin{aligned}\mathrm{var}\{\hat{f}(x)\}&=\frac{1}{n}\mathrm{var}\left\{\frac{1}{h}K\left(\frac{x-X_i}{h}\right)\right\}\\&=\frac{1}{nh}\int K(t)^2f(x-ht)\mathrm{d}t-\frac{1}{n}\left[\mathrm{E}\left\{\frac{1}{h}K\left(\frac{x-X_i}{h}\right)\right\}\right]^2\\&=\frac{1}{nh}\int K(t)^2[f(x)+o(1)]\mathrm{d}t-\frac{1}{n}[f(x)+o(1)]^2\\&=\frac{1}{nh}f(x)R(K)+o\left(\frac{1}{nh}\right).\end{aligned} \tag{10.14}$$

将其对 x 积分得

$$\int\mathrm{var}\{\hat{f}(x)\}\mathrm{d}x=\frac{R(K)}{nh}+o\left(\frac{1}{nh}\right). \tag{10.15}$$

因此

$$\mathrm{MISE}(h)=\mathrm{AMISE}(h)+o\left(\frac{1}{nh}+h^4\right), \tag{10.16}$$

其中

$$\mathrm{AMISE}(h)=\frac{R(K)}{nh}+\frac{h^4\sigma_K^4R(f^{''})}{4} \tag{10.17}$$

称作*渐进均方积分误差*. 如果当 $n\to\infty$ 时 $nh\to\infty, h\to 0$, 则 $\mathrm{MISE}(h)\to 0$, 这就证实了在本章介绍中讨论均匀核估计时的直观印象. 可以证明, (10.16) 中的误差项等于 $O(n^{-1}+h^5)$, 关于平方偏差更详尽的分析见 [491], 但我们最感兴趣的是 AMISE.

要关于 h 最小化 AMISE(h), 我们必须把 h 设在某个中间值, 这可避免 $\hat{f}$ 过大的偏差以及过大的变异性. 关于 h 最小化 AMISE(h) 表明最好是精确地平衡 (10.17) 中偏差项和方差项的阶数. 最优的窗宽是

$$h = \left(\frac{R(K)}{n\sigma_K^4 R(f'')} \right)^{1/5}, \tag{10.18}$$

但该结果用处并不很大, 因为它依赖于未知密度 f.

注意最优窗宽有 $h = O(n^{-1/5})$, 这种情况下 MISE $= O(n^{-4/5})$. 该结果显示了随着样本量的增加窗宽缩小的速度, 但对给定的数据集来说它并未指明窗宽具体取多少对密度估计是合适的. 下面的章节提出了多种自动窗宽选择策略. 在实际应用中, 它们的表现随 f 的性质以及观测数据的不同也有所不同. 目前还没有一个绝对最好的方法.

很多窗宽选择方法依赖于优化或找到关于 h 的函数的根——例如, 最小化 AMISE(h) 的一个近似量. 这种情况下, 可能会在 50 或更多个值的格子点上搜索, 格子点之间进行线性插值. 如果存在多个根或多个局部极小值, 那么格子点搜索比自动优化或寻根算法更有助于理解窗宽选择问题.

1. 交叉验证

许多窗宽选择策略的出发点是把 $\hat{f}$ 作为 f 估计量时的某个质量度量和 h 发生联系. 该质量用某个 $Q(h)$ 量化, 优化其估计 $\hat{Q}(h)$ 以寻找 h.

如果 $\hat{Q}(h)$ 在某种意义上根据对观测数据的拟合程度来评价 $\hat{f}$ 的质量, 那么观测数据就使用了两次: 一次是通过数据计算 $\hat{f}$, 另一次是求 $\hat{f}$ 作为 f 估计量的质量. 这种两次使用数据对估计量的质量提供了一个过于乐观的观点. 当选择的估计量以这种方式误导时, 该估计量倾向于带有太多的摆动或虚假峰值而出现过度拟合 (即光滑不足).

交叉验证可对该问题作出纠正. 计算 $\hat{f}$ 在第 i 个数据点的质量时, 模型用除第 i 个点之外的所有数据拟合. 令

$$\hat{f}_{-i}(X_i) = \frac{1}{h(n-1)} \sum_{j \neq i} K\left(\frac{X_i - X_j}{h} \right) \tag{10.19}$$

表示在 X_i 点处核密度估计量用除 X_i 外所有数据估计的密度. 选 $\hat{Q}$ 作为 $\hat{f}_{-i}(X_i)$ 的函数, 以便把拟合 $\hat{f}$ 来选择 h 和评价 $\hat{f}$ 来选择 h 区分开来.

虽然交叉验证在散点光滑的跨度选择策略中非常成功 (见第 11 章), 但对密度估计的窗宽选择并不总是有效的. 通过交叉验证方法估计的 h 可能对抽样变异性非常敏感. 尽管在实际和某些软件中一直使用这些方法, 但复杂的插入法是一个更

可靠的方法, 如 Sheather-Jones 方法 (10.2.1 节第 2 部分). 尽管如此, 交叉验证方法介绍的思想在很多情况下都是有用的.

交叉验证中一种简单的选择是令 $\hat{Q}(h)$ 为 [148,252] 中提出的*伪似然*

$$\mathrm{PL}(h) = \prod_{i=1}^{n} \hat{f}_{-i}(X_i). \tag{10.20}$$

通过最大化该伪似然来选择窗宽. 尽管该方法简单直观, 但其得到的密度估计常常有太多摆动且对异常值过于敏感 [493]. 通过最小化 $\mathrm{PL}(h)$ 获得跨度的核密度估计, 其理论极限表现也不好. 很多时候估计量不是相合的 [489].

另一种方法是把积分平方误差重新写成

$$\begin{aligned}\mathrm{ISE}(h) &= \int \hat{f}^2(x)\mathrm{d}x - 2\mathrm{E}\{\hat{f}(x)\} + \int f(x)^2 \mathrm{d}x \\ &= R(\hat{f}) - 2\mathrm{E}\{\hat{f}(x)\} + R(f).\end{aligned} \tag{10.21}$$

该表达式的最后一项是常数且中间项可以用 $\frac{2}{n}\sum_{i=1}^{n}\hat{f}_{-i}(X_i)$ 来估计. 因此, 通过关于 h 最小化

$$\mathrm{UCV}(h) = R(\hat{f}) - \frac{2}{n}\sum_{i=1}^{n}\hat{f}_{-i}(X_i) \tag{10.22}$$

应该得到较好的窗宽 [50,472]. $\mathrm{UCV}(h)$ 称作*无偏交叉验证准则*, 因为 $\mathrm{E}\{\mathrm{UCV}(h) + R(f)\} = \mathrm{MISE}(h)$. 该方法也称作*最小二乘交叉验证*, 因为最小化 $\mathrm{UCV}(h)$ 选的 h 实际上最小化了 $\hat{f}$ 和 f 之间的积分平方误差.

如果不可能解析计算 $R(\hat{f})$, 那么计算 (10.22) 最好的方式可能是另外找一个核来简化解析. 对正态核 ϕ, 根据问题 10.3 描述的步骤可以证明

$$\mathrm{UCV}(h) = \frac{R(\phi)}{nh} + \frac{1}{n(n-1)h}\sum_{i=1}^{n}\sum_{j\neq i}\left[\frac{1}{(8\pi)^{1/4}}\phi^{1/2}\left(\frac{X_i - X_j}{h}\right) - 2\phi\left(\frac{X_i - X_j}{h}\right)\right]. \tag{10.23}$$

该表达式不用数值近似就可有效地计算出来.

虽然关于 h 最小化 $\mathrm{UCV}(h)$ 得到的窗宽渐进地与最好的可能窗宽一样好 [256, 519], 但它收敛到最优值的速度非常慢 [259,494]. 在实际问题中, 使用无偏交叉验证是有风险的, 因为导出的窗宽倾向于对观测数据有很强的依赖性. 换句话说, 当对来自于同一分布的不同数据集应用无偏交叉验证时, 可能得到非常不同的答案. 在实际应用中, 其表现是不稳定的且经常发生光滑不足的情况.

与 $\mathrm{MISE}(h)$ 不一样, 目标表现准则 $Q(h) = \mathrm{ISE}(h)$ 本身是随机的, 这是导致无偏交叉验证高抽样变异性的主要原因. Scott 和 Terrell 提出一个*有偏交叉验证准则*

(BCV(h)), 其最小化 AMISE(h) 的一个估计 [494]. 实际上, 该方法一般不如最优插入法, 而且可能得到过大的窗宽和过度光滑的密度估计.

例 10.2 (鲸的洄游) 2001 年春天在阿拉斯加巴罗角附近的海冰边缘对弓头鲸幼仔做了一个目测调查, 图 10.3 显示了 121 头弓头鲸幼仔被观测的次数. 该调查是一次国际合作项目, 目的是为拯救该濒临灭绝的鲸鱼种群, 而又允许沿岸因纽皮特居民维持生计开展小范围的猎杀 [135,219,446].

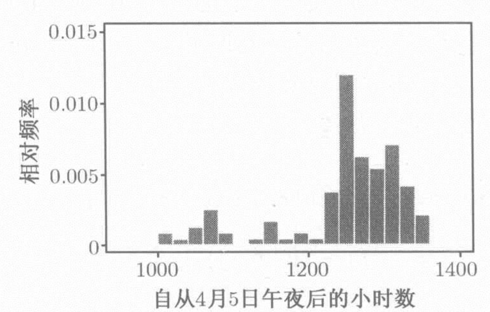


图 10.3 例 10.2 中讨论的 2001 年春季洄游期间 121 头弓头鲸幼仔被观测的次数. 每个观测数据用 4 月 5 日午夜从看到第一个成年鲸开始的小时数来表示

向东北方向春季洄游的时间选择带有惊人的规律性, 弄清洄游模式的特征对将来制定这些动物的科学研究计划是很重要的. 有一个猜想就是, 洄游可能会按照某个大致的节奏出现. 若果真如此, 则这对研究就非常重要, 因为它可使我们对弓头鲸的生态及储量结构有新的认识.

图 10.4 显示了用正态核对这些数据进行核密度估计的结果, 其中用三种不同的交叉验证准则选择 h. 关于 h 最大化交叉验证的 PL(h) 得到 $h = 9.75$, 其密度估计在图中用短划线表示. 该密度估计差得很远, 在好几个区域似乎都有虚假的峰

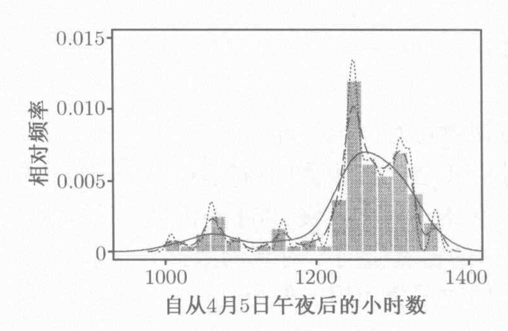


图 10.4 用正态核对例 10.2 中鲸鱼幼仔洄游数据的核密度估计, 其中窗宽分别用 3 种不同的交叉验证准则选择. 用 PL(h) 时窗宽为 9.75(短划线), 用 UCV(h) 时为 5.08(虚线), 用 BCV(h) 时为 26.52(实线)

值. 在应用中, 通过关于 h 最小化 UCV(h) 得到 $h = 5.08$. 其结果甚至更糟, 相应的密度估计见图中的虚曲线. 该窗宽显然太小. 最后关于 h 最小化 BCV(h) 得到 $h = 26.52$, 其密度估计见图中的实线. 显然, 三个选择中最好的密度估计只强调了数据分布中最显著的特征, 但看上去好像过度光滑了. 也许在 10 和 26 之间的某个窗宽会更好. □

2. 插入法

插入法应用导频窗宽来估计 f 的一个或多个重要特征. 然后估计 f 本身的窗宽在另一阶段用依赖于估计特征的准则去估计. 最优插入法已经证实在不同应用中都非常有效, 而且比交叉验证方法更为流行. 然而, Loader 提出观点, 反对对交叉验证方法不加鉴别的否定 [361].

对一维核密度估计我们知道, 最小化 AMISE 得到的窗宽为

$$h = \left(\frac{R(K)}{n\sigma_K^4 R(f'')}\right)^{1/5}, \tag{10.24}$$

其中 σ_K^2 是把 K 看成某密度时 K 的方差. 乍一看, (10.24) 式好像并无大用, 因为最优窗宽通过其二阶导数的粗糙度依赖于未知密度 f. 现已提出多种方法估计 $R(f'')$.

Silverman 提出一种初等的方法: 把 f 用方差和样本方差相匹配的正态密度替换 [507]. 这就等于用 $R(\phi'')/\hat{\sigma}^5$ 估计 $R(f'')$, 其中 ϕ 为标准正态密度函数. 因此由 Silverman 的大拇指法则得到

$$h = \left(\frac{4}{3n}\right)^{1/5}\hat{\sigma}. \tag{10.25}$$

如果 f 是多峰的, 那么 $R(f'')$ 对 $\hat{\sigma}$ 的比值可能要比正态分布数据时大. 这就导致了过度光滑. 比较好的窗宽可通过考虑四分位区间距 (IQR) 得到, IQR 是一个比 $\hat{\sigma}$ 更加稳健的散度度量. 因此, Silverman 建议在 (10.25) 中用 $\tilde{\sigma} = \min\{\hat{\sigma}, \mathrm{IQR}/(\Phi^{-1}(0.75) - \Phi^{-1}(0.25))\} \approx \min\{\hat{\sigma}, \mathrm{IQR}/1.35\}$ 替换 $\hat{\sigma}$, 其中 Φ 是标准正态累积分布函数. 虽然该方法简单, 但不建议通用, 因为它往往过度光滑. 然而作为产生近似窗宽的一种方法, Silverman 的大拇指法则还是很有价值的, 这种窗宽对复杂的插入方法中使用的各量的导频估计是有效的.

(10.24) 中 $R(f'')$ 的经验估计是比 Silverman 的大拇指法则更好的选择. 基于核的估计量为

$$\begin{aligned}\hat{f}''(x) &= \frac{\mathrm{d}^2}{\mathrm{d}x^2}\left\{\frac{1}{nh_0}\sum_{i=1}^{n} L\left(\frac{x - X_i}{h_0}\right)\right\} \\ &= \frac{1}{nh_0^3}\sum_{i=1}^{n} L''\left(\frac{x - X_i}{h_0}\right),\end{aligned} \tag{10.26}$$

其中 h_0 为窗宽, L 为用来估计 f'' 的充分可微的核函数. $R(f'')$ 的估计直接从 (10.26) 可得.

估计 f 的最优窗宽和估计 f'' 或 $R(f'')$ 的最优窗宽是不同的. 认识到这一点很重要, 因为估计 f'' 时 $\mathrm{var}\{\hat{f}''\}$ 对均方误差贡献的比例比估计 f 时 $\mathrm{var}\{\hat{f}\}$ 对均方误差贡献的比例大得多. 从而估计 f'' 要求较大的窗宽. 因此我们预计 $h_0 > h$, 这与一个函数的导数比函数本身更光滑这一趋势是一致的.

假设我们用窗宽为 h_0 的核 L 来估计 $R(f'')$, 用窗宽为 h 的核 K 来估计 f. 那么当 $h_0 \propto n^{-1/7}$ 时用核 L 估计 $R(f'')$ 的渐进均方误差最小. 要确定 h_0 和 h 之间具体关系如何, 注意估计 f 的最优窗宽有 $h \propto n^{-1/5}$. 对 n 解这个表达式并在方程 $h_0 \propto n^{-1/7}$ 中替换 n, 可证明

$$h_0 = C_1(R(f''), R(f'''))C_2(L)h^{5/7}, \tag{10.27}$$

其中 C_1 和 C_2 分别为依赖于 f 导数的函数和依赖于核 L 的函数. 等式 (10.27) 仍旧依赖于未知的 f, 但如果用相对简单的估计设定 h_0 来找 C_1 和 C_2 的话, 用 h_0 和 L 产生的 $R(f'')$ 估计的质量也不会太坏. 实际上, 我们可用 Silverman 的大拇指法则选择的窗宽来估计 C_1 和 C_2.

对找窗宽结果是一个两阶段的过程, 称为Sheather-Jones **方法**[315,503]. 在第一阶段, 用简单的大拇指法则计算窗宽 h_0. 该窗宽用来估计 $R(f'')$, 这是最优窗宽表达式 (10.24) 中唯一未知的. 然后通过 (10.24) 计算窗宽 h 并产生最后的核密度估计.

对用导频核 $L = \phi$ 的一元和密度估计, Sheather-Jones 窗宽是解如下方程得到的 h 值

$$\left(\frac{R(K)}{n\sigma_K^4 \hat{R}_{\hat{\alpha}(h)}(f'')}\right)^{1/5} - h = 0, \tag{10.28}$$

其中

$$\hat{R}_{\hat{\alpha}(h)}(f'') = \frac{1}{n(n-1)\alpha^5}\sum_{i=1}^{n}\sum_{j=1}^{n}\phi^{(4)}\left(\frac{X_i - X_j}{\alpha}\right),$$

$$\hat{\alpha}(h) = \left(\frac{6\sqrt{2}h^5 \hat{R}_a(f'')}{\hat{R}_b(f''')}\right)^{1/7},$$

$$\hat{R}_a(f'') = \frac{1}{n(n-1)a^5}\sum_{i=1}^{n}\sum_{j=1}^{n}\phi^{(4)}\left(\frac{X_i - X_j}{a}\right),$$

$$\hat{R}_b(f''') = \frac{1}{n(n-1)b^7}\sum_{i=1}^{n}\sum_{j=1}^{n}\phi^{(6)}\left(\frac{X_i - X_j}{b}\right),$$

$$a = 0.920(\mathrm{IQR})/n^{1/7},$$
$$b = 0.912(\mathrm{IQR})/n^{1/9},$$

$\phi^{(i)}$ 为正态密度函数的 i 阶导数, IQR 为数据的四分位区间距. (10.28) 式的解可通过格子点搜索或第 2 章中的寻根策略, 如 Newton 方法得到.

Sheather-Jones 方法一般表现非常好 [315,316,427,502]. 还有很多其他的方法, 它们是基于对 MISE(h) 或其极小值进行精心选择的近似值 [77,261,262,314,426]. 每种情况下, 仔细选择各个量的导频估计对保证最终窗宽的良好表现起了至关重要的作用. 有些方法给出的窗宽渐进收敛到最优窗宽的速度甚至比 Sheather-Jones 方法还要快很多, 这些方法在某种情况下都可能是有用的选择. 然而, 这些方法在实际中没有一个能比 Sheather-Jones 方法更容易操作或表现更好.

例 10.3 (鲸鱼洄游, 续) 图 10.5 解释了对例 10.2 中介绍的弓头鲸洄游数据如何使用 Silverman 的大拇指法则和 Sheather-Jones 方法. Sheather-Jones 方法给出的窗宽是 10.22, 相应密度估计见图中实线. 该窗宽看上去有点儿太窄, 且得到的密度估计摆动太多. Silverman 的大拇指法则给出 32.96 的窗宽, 比以前任何方法给的窗宽都大. 导出的密度估计可能太光滑了, 并隐藏了分布的很多重要特征. □

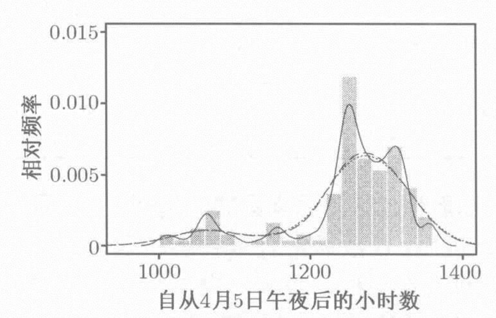


图 10.5 对鲸鱼幼仔洄游数据用正态核及三种不同准则选择的窗宽得到的核密度估计. 用 Sheather-Jones 方法得到的窗宽为 10.22 (实线), 用 Silverman 的大拇指法则得到的窗宽为 32.96 (短划线), 用 Terrell 的极大光滑跨度得到的窗宽为 35.60(虚线)

3. 极大光滑原则

再次回忆, 当

$$h = \left(\frac{R(K)}{n\sigma_K^4 R(f'')}\right)^{1/5} \tag{10.29}$$

时 AMISE 达到最小, 但 f 是未知的. Silverman 的大拇指法则用 $R(\phi'')$ 替换 $R(f'')$. Sheather-Jones 方法估计 $R(f'')$. Terrell 的极大光滑方法用最保守的 (即最小的) 可能值替换 $R(f'')$[531].

具体来说, Terrell 考虑对所有 f 都最小化 (10.29) 的所有 h 的全体, 并建议选择最大的这种窗宽. 换句话说, (10.29) 的右手边应该关于 f 最大化. 这使窗宽选择不易出现光滑不足的情况. 由于当 f 的方差趋于零时 $R(f'')$ 也趋于零, 因此最大化是在 f 的方差和样本方差 $\hat{\sigma}^2$ 成比例的条件下进行的.

(10.29) 关于 f 限制下的最大化是变量微积分的一种应用. 最大化 (10.29) 的 f 是一个多项式. 用其粗糙度替换 (10.29) 中的 $R(f'')$ 可得

$$h = 3\left(\frac{R(K)}{35n}\right)^{1/5}\hat{\sigma} \tag{10.30}$$

作为选择的窗宽. 表 10.1 给出了某些常用核的 $R(K)$ 值.

表 10.1　文中讨论的一些核选择及相关的量. 核按照粗糙度 $R(K)$ 由低到高排列. 除了在整个实直线上都有正支撑的正态核以外, 所有核都应对 $K(z)$ 乘以 $1_{\{|z|<1\}}$. R.E. 是 10.2.2 第 1 部分中描述的渐进相对效率

名称	$K(z)$	$R(K)$	$\delta(K)$	R.E.
正态核	$\exp\{-z^2/2\}/\sqrt{2\pi}$	$1/(2\sqrt{\pi})$	$(1/(2\sqrt{\pi}))^{1/5}$	1.051
均匀核	$1/2$	$1/2$	$(9/2)^{1/5}$	1.076
艾氏核	$(3/4)(1-z^2)$	$3/5$	$15^{1/5}$	1.000
三角核	$1-\lvert z\rvert$	$2/3$	$24^{1/5}$	1.014
双权重核	$(15/16)(1-z^2)^2$	$5/7$	$35^{1/5}$	1.006
三权重核	$(35/32)(1-z^2)^3$	$350/429$	$(9\,450/143)^{1/5}$	1.013

Terrell 提出**极大光滑原则**促使了该窗宽的选择. 当解释密度估计时, 分析者的目光自然关注各众数. 进而, 众数通常有重要的科学含义. 因此选择的窗宽应该能避免虚假众数, 并产生只有在数据本身确实存在众数的地方有众数的估计.

极大光滑方法因为其计算快速简单而吸引人. 实际中, 导出的核密度估计常常太光滑. 当密度估计用于推断时我们将不愿用极大光滑窗宽. 对探索性数据分析来说, 极大光滑窗宽可能相当有用, 其允许分析者关注密度的主要特征而不会被虚假众数的变量暗示所误导.

例 10.4 (鲸鱼洄游, 续)　图 10.5 中虚线表示的是用 35.60 的极大光滑窗宽得到的密度估计. 它甚至比 Silverman 的窗宽还大, 该选择对鲸鱼数据好像太大了. 总之, Silverman 的大拇指法则和 Terrell 的极大光滑原则都倾向于产生过度光滑的密度估计. □

10.2.2　核的选择

核密度估计要求指明两个部分：核及窗宽. 结果证明, 核的形状对结果的影响比窗宽要小得多. 表 10.1 对各种核函数列出了几种选择.

1. 艾氏核

假设 K 为各阶距有限、方差为 1 的有界对称密度. Epanechnikov 证明了关于 K 最小化 AMISE 等价于在这些限制条件下关于 K 最小化 $R(K)$[162]. 该变分学问题的解是密度为 $\frac{1}{\sqrt{5}}K^*(z/\sqrt{5})$ 的核, 其中 K^* 为艾氏核

$$K^*(z) = \begin{cases} \frac{3}{4}(1-z^2), & \text{若 } |z|<1, \\ 0, & \text{其他}. \end{cases} \tag{10.31}$$

这是以零为中心的对称二次函数, 其众数在中心处达到且在支撑的边界下降到零.

从 (10.17) 和 (10.18) 我们看到, 对用正核 K 的核密度估计, 最小的 AMISE 为 $\frac{5}{4}[\sigma_K R(K)/n]^{4/5}R(f'')^{1/5}$. 从而换成使 $\sigma_K R(K)$ 加倍的 K 后要求把 n 也加倍才能使 AMISE 保持同样的最小值. 因此, $\sigma_{K_2}R(K_2)/(\sigma_{K_1}R(K_1))$ 度量了 K_2 和 K_1 的渐进相对效率. 表 10.1 列出了多种核对艾氏核的相对效率. 注意到, 相对效率都很接近于 1, 这又重新验证了核的选择不怎么重要这一点.

2. 典则核及刻度再调整

遗憾的是, 一个特定的 h 值对应于不同程度的光滑, 这依赖于使用哪个核. 例如, $h=1$ 对应于正态核时的核标准偏差比对应于三权重核时大 9 倍.

令 h_K 和 h_L 分别表示使用对称核密度 K 和 L 时最小化 AMISE(h) 的窗宽, 其中 K 和 L 均值都为零且有有限正方差. 那么由 (10.29) 显然有

$$\frac{h_K}{h_L} = \frac{\delta(K)}{\delta(L)}, \tag{10.32}$$

其中对任何核都有 $\delta(K) = (R(K)/\sigma_K^4)^{1/5}$. 因此要想达到与核为 K 时的窗宽 h 同等的光滑度, 那么核 L 时的窗宽应取 $h\delta(L)/\delta(K)$. 表 10.1 对一些常见的核给出 $\delta(K)$ 的值.

进一步假设我们把表 10.1 中每个核的形状重新调整刻度, 使得 $h=1$ 相当于 $\delta(K)$ 的窗宽. 那么核密度估计可以写成 $\hat{f}_X(x) = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} K_{h\delta(K)}(x-X_i)$, 其中 $K_{h\delta(K)}(z) = \frac{1}{h\delta(K)}K(\frac{z}{h\delta(K)})$且 K 代表表 10.1 中某个原始核的形状和尺度. 按照这种方式给核调整刻度可给出每种形状的**典则核**$K_{\delta(K)}$[373]. 这种观点的好处主要在于, 单独的 h 值可以对每个典则核交换使用而不影响密度估计的光滑程度.

注意到, 对用窗宽为 h(即表 10.1 中窗宽为 $h\delta(K)$ 的核) 及 $C(K_{\delta(K)}) = (\sigma_K R(K))^{4/5}$ 的典则核时得到的估计来说,

$$\text{AMISE}(h) = C(K_{\delta(K)})\left(\frac{1}{nh} + \frac{h^4 R(f'')}{4}\right). \tag{10.33}$$

这就意味着由因子 $(nh)^{-1} + h^4R(f'')/4$ 决定的方差和平方偏差之间的平衡不再受所选核的影响了. 同时, 这也意味着核对方差项的贡献及对平方偏差项的贡献是一样的. 因此, 最优核的形状并不依赖于窗宽的选择: 艾氏核的形状对任何希望的光滑程度都是最优的 [373].

例 10.5 (双峰密度, 续) 图 10.6 显示了例 10.1 中数据的核密度估计, 该数据是两个正态密度 $\mathrm{N}(4,1^2)$ 和 $\mathrm{N}(4,2^2)$ 等权重混合生成的. 对每种形状的典则核, 窗宽都设为 0.69, 这是正态核的 Sheather-Jones 窗宽. 由于其不连续性, 均匀核得到一个明显粗糙的结果. 艾氏核和均匀核都提供了些许的 (错误的) 信息, 即较低的峰值包含两个小的局部峰值. 除了这些小的区别外, 所有这些核的结果从性质上都是一样的. 该例说明, 即使差别很大的核也可重新调整刻度以得到如此相似的结果, 以至于核的选择显得不太重要了. □

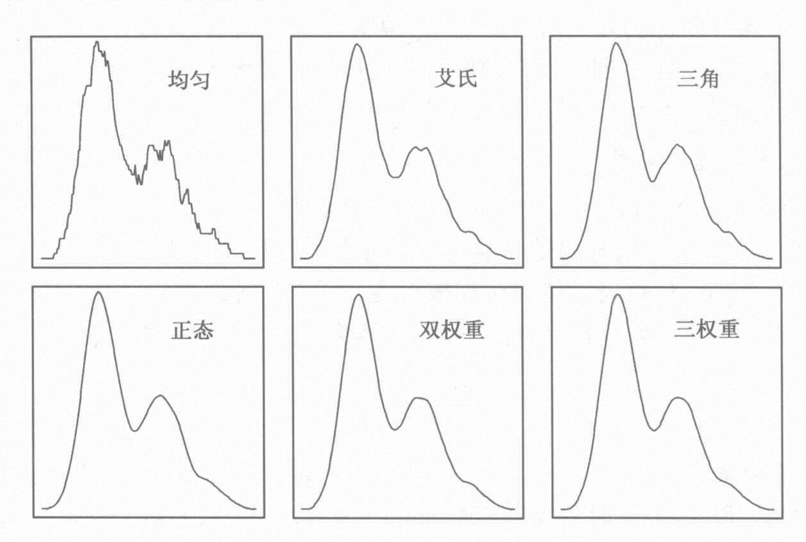


图 10.6 例 10.1 中数据的核密度估计, 其中表 10.1 中的 6 个核都用典则形式且 $h = 0.69$(虚线)

10.3 非核方法

对数样条

三次样条是处处二次连续可微, 但三阶导数可能在有限个给定的节点上不连续的分段三次函数. 我们可以把三次样条看成是每两个节点之间为三次多项式, 在各节点处二次连续可微地粘在一起的函数. Kooperberg 和 Stone 的对数样条密度估计方法是通过某种形式的三次样条估计 f 的对数的 [339,520].

该方法提供了区间 (L,U) 上的一元密度估计, 其中每个终点可能是无穷. 假设有 $M \geqslant 3$ 个节点 $t_j, j=1,\cdots,M$, 其中 $L < t_1 < t_2 < \cdots < t_M < U$. 节点的选择将在以后讨论.

令 $\mathcal{S}$ 为包含节点在 $t_1,\cdots,t_M$ 上的三次样条且在 $(L,t_1]$ 和 $[t_M,U)$ 上为线性的 M- 维空间. 令 $\mathcal{S}$ 的基表示为函数 $\{1,B_1,\cdots,B_{M-1}\}$. 某些类型的基有数值上的优势, 更详尽的细节请参考关于样条方面的书籍及本节中涉及的其他参考文献 [124,488]. 也许会选基函数使得在 $(L,t_1]$ 上 B_1 是负斜率的线性函数而其他 B_i 都是常数, 或者使得在 $[t_M,U)$ 上 B_{M-1} 是正斜率的线性函数而其他 B_i 都是常数.

现在考虑用如下定义的参数化的密度 $f_{X|\boldsymbol{\theta}}$ 对 f 建模,

$$\log f_{X|\boldsymbol{\theta}}(x|\boldsymbol{\theta}) = \theta_1 B_1(x) + \cdots + \theta_{M-1}B_{M-1}(x) - c(\boldsymbol{\theta}), \tag{10.34}$$

其中

$$\exp\{c(\boldsymbol{\theta})\} = \int_L^U \exp\{\theta_1 B_1(x) + \cdots + \theta_{M-1}B_{M-1}(x)\}\mathrm{d}x, \tag{10.35}$$

且 $\boldsymbol{\theta} = (\theta_1,\cdots,\theta_{M-1})$. 这要成为一个密度的合理模型, 我们要求 $c(\boldsymbol{\theta})$ 是有限的, 这可通过以下两个条件来保证: (i)$L > -\infty$ 或 $\theta_1 < 0$ 和 (ii)$U < \infty$ 或 $\theta_{M-1} < 0$. 对给定的观测数据值 $x_1,\cdots,x_n$, 在该模型下 $\boldsymbol{\theta}$ 的对数似然为

$$l(\boldsymbol{\theta}|x_1,\cdots,x_n) = \sum_{i=1}^{n} \log f_{X|\boldsymbol{\theta}}(x_i|\boldsymbol{\theta}). \tag{10.36}$$

只要节点的位置使得在每个区间段都有足够多的观测用来估计, 那么在 $c(\boldsymbol{\theta})$ 有限这一限制条件下最大化 (10.36) 可得极大似然估计 $\hat{\boldsymbol{\theta}}$. 该估计是唯一的, 因为 $l(\boldsymbol{\theta}|x_1,\cdots,x_n)$ 为凹函数. 估计了模型参数, 我们取

$$\hat{f}(x) = f_{X|\boldsymbol{\theta}}(x|\hat{\boldsymbol{\theta}}) \tag{10.37}$$

作为 $f(x)$ 的极大似然对数样条密度估计.

$\boldsymbol{\theta}$ 的极大似然估计是在节点个数及其摆放方式条件下求得的. Kooperberg 和 Stone 对给定个数节点的摆放提出一种自动的策略 [340]. 他们策略的做法是在最小和最大观测数据点处放置节点, 其他节点放在关于中位数对称分布的其他位置, 但不是等间距的.

要放置给定个数的节点, 令 $x_{(i)}$ 表示数据的第 i 个次序统计量, $i=1,\cdots,n$, 因此 $x_{(1)}$ 为最小的观测值. 定义一个近似分位数函数 $q\left(\frac{i-1}{n-1}\right) = x_{(i)}$, $1 \leqslant i \leqslant n$, 其中对非整数 i, q 的值通过线性内插得到.

对一列数 $0 < r_2 < r_3 < \cdots < r_{M-1} < 1$, M 个节点将放在 $x_{(1)}$, $x_{(n)}$ 及由 $q(r_2),\cdots,q(r_{M-1})$ 标记的次序统计量的位置上.

当 $(L,U)=(-\infty,\infty)$ 时, 内部节点的放置由下列对节点间距的限制所决定: 对 $1\leqslant i\leqslant M/2$,

$$n(r_{i+1}-r_i)=4\cdot\max\{4-\epsilon,1\}\cdot\max\{4-2\epsilon,1\}\cdots\max\{4-(i-1)\epsilon,1\},$$

其中 $r_1=0$ 且 ϵ 的选择满足当 M 为奇数时 $r_{(M+1)/2}=1/2$, 或当 M 为偶数时 $r_{M/2}+r_{M/2+1}=1$. 其余节点的放置应保证分位数的对称, 于是对 $M/2\leqslant i\leqslant M-1$,

$$r_{M+1-i}-r_{M-i}=r_{i+1}-r_i, \tag{10.38}$$

其中 $r_M=1$.

当 (L,U) 至少一端有限时, 也提出了类似的节点放置方法. 特别地, 如果 (L,U) 为有限长度区间时, 选择 $r_2,\cdots,r_{M-1}$ 为等距离放置, 因此 $r_i=\frac{i-1}{M-1}$.

前面假设节点格数 M 是预先给定的. 实际上可能有多种选择 M 的方法, 但是选择节点个数的方法涉及一点, 其中对介绍方法的完全描述超出了我们的讨论范围. 概括来说, 该过程如下. 首先把少量节点放在上面给定的位置上. 建议的最小值为超过 $\min\{2.5n^{1/5},n/4,n^*,25\}$ 的第一个整数, 其中 n^* 为不同数据点的个数. 然后其他的节点一次一个地加到现存的集合中. 每次循环中, 在该节点不存在时模型满足的 Rao 检验统计量最大值的位置增加一个节点 [341,520]. 无需检验显著水平, 该过程直到节点总数达到 $\min\{4n^{1/5},n/4,n^*,30\}$ 或者由于对节点的位置或对节点附近的限制而没有新的节点可以添加为止.

然后, 各节点依次逐个删除. 一个节点的删除相当于移除一个基函数. 令 $\hat{\boldsymbol{\theta}}=(\hat{\theta}_1,\cdots,\hat{\theta}_{M-1})$ 表示当前模型中参数的极大似然估计. 那么检验第 i 个基函数贡献显著性的 Wald 统计量为 $\hat{\theta}_i/\mathrm{SE}\{\hat{\theta}_i\}$, 其中 $\mathrm{SE}\{\hat{\theta}_i\}$ 为观测的信息矩阵逆矩阵, $-\boldsymbol{I}''(\hat{\boldsymbol{\theta}})^{-1}$ 的第 i 个对角元的平方根 [341,520]. 去掉后可使 Wald 统计量的值达到最小的节点将被删掉. 序贯删除一直到大概只有三个节点时停止.

序贯地删除节点之后紧接着就是序贯地添加节点, 这产生一列共 S 个模型, 其中节点个数各不相同. 对 $s=1,\cdots,S$, 令 m_s 表示第 s 个模型的节点个数. 为选择序列中的最优模型, 令

$$\mathrm{BIC}(s)=-2l(\hat{\boldsymbol{\theta}}_s|x_1,\cdots,x_n)+(m_s-1)\log n \tag{10.39}$$

度量第 s 个模型的质量, 其中该模型相应参数向量的 MLE 为 $\hat{\boldsymbol{\theta}}_s$. 量 $\mathrm{BIC}(s)$ 是模型比较的Bayes *信息准则*[321,490]; 模型质量的其他度量也可去研究. 模型序列中, $\mathrm{BIC}(s)$ 最小的模型给出了选择的节点个数.

节点选择过程的其他细节请参考 [341,520]. 关于 S-plus 和 R 语言进行对数样条密度估计的软件见 [97,338]. 节点的逐步添加和逐步删除是一种并不能保证

找到最优节点集合的贪婪搜索策略. 其他搜索策略也是有效的, 包括 MCMC 策略 [265,520].

对数样条方法是根据样条近似进行密度估计的几种有效方法之一, 另一种在 [250] 中给出.

例 10.6 (鲸鱼洄游, 续) 图 10.7 显示了例 10.2 中鲸鱼幼仔洄游数据的对数样条密度估计 (实线). 采用上面所示的程序, 选出了一个具有 7 个节点的模型. 这 7 个节点的位置见图中实点所示. 在初始节点放置、逐步节点添加及逐步节点删除的各种阶段考虑过 4 个其他节点, 但根据 BIC 准则在最终选择的模型中没有使用这些节点. 这些抛弃的节点见图中的空心点. 图 10.7 中所见的光滑度是典型的对数样条估计因为样条是逐段三次和二次连续可微的.

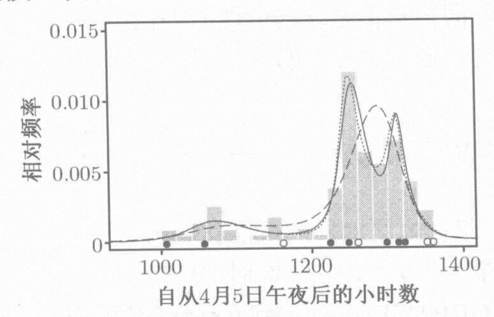


图 10.7 例 10.6 中弓头鲸幼仔洄游数据的对数样条密度估计 (实线). 直方图下面的点表示哪儿使用了节点 (实点) 和哪儿考虑了但被拒绝的节点 (中空点). 两种其他节点选择的对数样条密度估计用虚线和短划线表示, 详见正文

有时如果节点个数不足或放置不好的话, 局部峰值的估计也是一个问题. 图 10.7 中其他线条显示的是两种其他节点选择的对数样条密度估计. 效果非常不好的估计 (短划线) 是用 6 个节点得到的. 另一个估计 (虚线) 是用图中带有中空点或实点的总共 7 个节点得到的. □

10.4 多元方法

密度函数 f 的多元密度估计是基于从 f 中抽得的独立同分布的随机变量得到的. 我们用 $\boldsymbol{X}_i = (X_{i1}, \cdots, X_{ip})$ 表示 p 维变量.

10.4.1 问题的本质

多元密度估计是与一元密度估计显著不同的工作. 当支撑区域超过两三维时, 对任何导出的密度估计可视化都是非常困难的. 因此除非采取某些降维措施, 否则作为一种探索性数据分析的工具, 多元密度估计的用处将大减. 然而, 多元密度估

计在很多更加精细的统计计算算法中是非常有用的一部分，其中对估计的可视化不做要求.

多元密度估计也受**维数祸根**的限制. 高维空间和 1, 2 或 3 维空间有很大的不同. 用不严谨的说法来讲，高维空间浩瀚无边，空间中的点只有寥寥无几的几个临近点. 为了解释方便，Scott 定义了标准 p 维正态密度的尾部区域，即包含概率密度小于众数密度百分之一的所有点 [492]. 尽管当 $p=1$ 时，只有 0.2% 的概率密度落入该尾部区域，而当 $p=10$ 时有一半多的概率密度落入该尾部区域，当 $p=20$ 时竟达 98% 都落入该区域.

维数的祸根对密度估计有重要的含义. 比方说，考虑基于来自 p 维标准正态分布的 n 个点的随机样本得到的核密度估计. 下面我们涉及几种方法来构造这种估计量；这里我们采用共同窗宽正态核的所谓的乘积核方法，但即使在我们的讨论之后也未必能理解该方法. 定义原点处的最优相对根均方误差为

$$\mathrm{ORRMSE}(p,n)=\frac{\sqrt{\min_h\{\mathrm{MSE}_h(\hat{f}(\mathbf{0}))\}}}{f(\mathbf{0})},$$

其中 $\hat{f}$ 从 n 个点的一组样本用最好的可能窗宽来估计 f. 该量度量了在真实众数处多元密度估计的质量. 当 $p=1, n=30$ 时 $\mathrm{ORRMSE}(1,30)=0.028\,9$. 表 10.2 对 p 的不同值列出了要和 $\mathrm{ORRMSE}(p,n)$ 达到同样低的值所需要的样本量. 表中的样本量显示到三位有效数字. 对每个不同的 n 和 p 用不同的窗宽最小化 $\mathrm{ORRMSE}(p,n)$，因此表中的元素是通过固定 p 对 n 进行搜索计算得到的，其中对每个试验的 n 值都需要对 h 进行优化. 该表进一步证明了理想的样本量随 p 的增加而迅速增加. 实际应用中，情况并不像表 10.2 显示的那么差. 有时可用多种方法得到充分的估计，尤其是那些试图通过降维来简化问题的方法.

表 10.2　和 $n=30$ 的一维数据在原点处取得的最优相对根均方误差一样时所需要的样本量. 这些结果适合于 p 元正态密度的估计，其中每种情况下使用具有能最小化原点处相对根均方误差的窗宽的正态乘积核密度估计.

p	n
1	30
2	180
3	806
5	17, 400
10	112, 000, 000
15	2, 190, 000, 000, 000
30	806, 000, 000, 000, 000, 000, 000, 000, 000

10.4.2 多元核估计

(10.6) 中一元核密度估计到 p 维密度估计最直接的推广是*广义多元核估计*

$$\hat{f}(\boldsymbol{x}) = \frac{1}{n|\boldsymbol{H}|}\sum_{i=1}^{n} K(\boldsymbol{H}^{-1}(\boldsymbol{x}-\boldsymbol{X}_i)), \tag{10.40}$$

其中 $\boldsymbol{H}$ 为 $p\times p$ 的非奇异常数阵, 其行列式值用 $|\boldsymbol{X}|$ 表示. 函数 K 为实值多元核函数且 $\int K(\boldsymbol{z})\mathrm{d}\boldsymbol{z}=1, \int \boldsymbol{z}\boldsymbol{K}(\boldsymbol{z})\mathrm{d}\boldsymbol{z}=\boldsymbol{0}, \int \boldsymbol{z}\boldsymbol{z}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{K}(\boldsymbol{z})\mathrm{d}\boldsymbol{z}=\boldsymbol{I}_p$, 其中 $\boldsymbol{I}_p$ 为 $p\times p$ 的单位阵.

该估计量比通常要求的更加灵活. 它可以使用任何形状的 p 维核以及通过 $\boldsymbol{H}$ 允许任意的线性旋转和调整刻度. 指定 $\boldsymbol{H}$ 中大量的窗宽参数以及在 p 维空间上指定核的形状, 这都是很不方便的. 比较实际的是寻求 $\boldsymbol{H}$ 和 K 有较少参数的具体形式.

*乘积核*方法大大简化了计算. 密度估计为

$$\hat{f}(\boldsymbol{x}) = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}\prod_{j=1}^{p}\frac{1}{h_j}K\left(\frac{x_j-X_{ij}}{h_j}\right), \tag{10.41}$$

其中 $K(z)$ 为一元核函数, $\boldsymbol{x}=(x_1,\cdots,x_p)$, $\boldsymbol{X}_i=(X_{i1},\cdots,X_{ip})$, h_j 对每个坐标为固定窗宽, $j=1,\cdots,p$.

另外一种简化方法允许 K 为 p 维对称单峰密度函数, 且令

$$\hat{f}(\boldsymbol{x}) = \frac{1}{nh^p}\sum_{i=1}^{n} K\left(\frac{\boldsymbol{x}-\boldsymbol{X}_i}{h}\right). \tag{10.42}$$

这种情况下, 多元艾氏核的形状

$$K(\boldsymbol{z}) = \begin{cases} \dfrac{(p+2)\Gamma(1+p/2)}{2\pi^{p/2}}(1-\boldsymbol{z}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{z}), & \text{若 } \boldsymbol{z}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{z}\leqslant 1, \\ 0, & \text{否则} \end{cases} \tag{10.43}$$

在渐进积分均方误差下是最优的. 然而和一元核密度估计情况类似, 很多其他核得到的结果基本上是等价的.

(10.42) 中唯一的固定窗宽意味着和每个观测数据点相关的概率分布向各个方向均匀散开. 当数据在不同方向上有不同的变异性, 或数据几乎位于一个低维流形上时, 认为各个方向都有同样的尺度得到的估计往往不太理想. Fukunaga[186] 建议把数据做线性变换使其有单位协方差阵, 然后用一个完全对称的核由 (10.42) 对变换后的数据进行密度估计, 然后再变换回去得到最终的估计. 为进行变化, 对样本协方差矩阵进行特征值特征向量分解使得 $\hat{\boldsymbol{\Sigma}}=\boldsymbol{P}\boldsymbol{\Lambda}\boldsymbol{P}^{\mathrm{T}}$, 其中 $\boldsymbol{\Lambda}$ 为特征值按降序排

列的 $p\times p$ 的对角阵, $\boldsymbol{P}$ 为标准正交的 $p\times p$ 矩阵且列为 $\boldsymbol{\Lambda}$ 中特征值相应的特征向量. 令 $\bar{\boldsymbol{X}}$ 为样本均值. 那么 $\boldsymbol{Z}_i=\boldsymbol{\Lambda}^{-1/2}\boldsymbol{P}^{\mathrm{T}}(\boldsymbol{X}_i-\bar{\boldsymbol{X}}),\ i=1,\cdots,n$ 给出了变换后的数据. 该过程通常称为白化或球化数据. 对对称核 K 来说, 对变换后的数据用 (10.42) 中的核密度估计等价于在原始数据用密度估计

$$\frac{|\hat{\boldsymbol{\Sigma}}|^{-1/2}}{nh^p}\sum_{i=1}^{n}K\left(\frac{(\boldsymbol{x}-\boldsymbol{X}_i)^{\mathrm{T}}\hat{\boldsymbol{\Sigma}}^{-1}(\boldsymbol{x}-\boldsymbol{X}_i)}{h}\right). \tag{10.44}$$

在如上各种选择提供的复杂性范围内, 从表现和灵活性来看, (10.41) 中的乘积核方法通常优于 (10.42) 和 (10.44). 乘积核的使用也简化了数值计算及核的刻度调整.

与一元情况类似, 对乘积核密度估计也可能得出渐进积分均方误差的表达式. 最小化窗宽 $h_1,\cdots,h_p$ 为 p 个非线性方程组的解. 最优的 h_i 都是 $O(n^{-1/(p+4)})$, 且对这些最优的 h_i 有 $\mathrm{AMISE}(h_1,\cdots,h_p)=O(n^{-1/(p+4)})$. 乘积核密度估计的窗宽选择及其他多元方法的研究远不如一元情况研究的深入.

这种情况下窗宽选择可能最简单的方法是假设 f 为正态的, 从而简化了关于 $h_1,\cdots,h_p$ 最小化 $\mathrm{AMISE}(h_1,\cdots,h_p)$ 的计算. 这提供了一个与一元情况下 Silverman 的大拇指法则类似的窗宽选择的理论基础. 对正态乘积核方法, 得到的窗宽为

$$h_i=\left(\frac{4}{n(p+2)}\right)^{1/(p+4)}\hat{\sigma}_i,\ i=1,\cdots,p, \tag{10.45}$$

其中 $\hat{\sigma}_i$ 为第 i 个坐标方向上标准偏差的估计. 和一元情形类似, 使用文件尺度估计可以改善表现情况. 当使用非正态核时, 正态核的窗宽可用 (10.32) 和表 10.1 重新调整刻度以给出与所选核类似的窗宽.

Terrell 的极大光滑原则也能用于 p 维问题. 假设我们用 (10.40) 给出的一般的核密度估计, 其中核函数为具有单位协方差阵的密度函数. 那么极大光滑原则表明选择的窗宽矩阵 $\boldsymbol{H}$ 应满足

$$\boldsymbol{H}\boldsymbol{H}^{\mathrm{T}}=\left[\frac{(p+8)^{(p+6)/2}\pi^{p/2}R(K)}{16n(p+2)\Gamma((p+8)/2)}\right]^{2/(p+4)}\hat{\boldsymbol{\Sigma}}, \tag{10.46}$$

其中 $\hat{\boldsymbol{\Sigma}}$ 为样本协方差阵. 利用该结果我们可对正态乘积核找到极大光滑窗宽. 然后如果想用另一个乘积核形状, 再用 (10.32) 和表 10.1 对逐个坐标的窗宽重新调整刻度.

像其他一些自动窗宽选择程序一样, 交叉验证方法也可推广到多元情形. 然而, 在一般 p 维问题中这种方法总的表现并没有很多文献加以证明.

10.4.3 自适应核及最近邻

采用普通的固定核密度估计, K 的形状及窗宽都是固定的. 这决定了一种不变的邻近观念. X_i 附近加权的贡献确定了 $\hat{f}(x)$, 其中权重根据 X_i 和 x 的临近程度确定. 比方说采用均匀核, 估计是根据在一个固定形状滑动窗口内观测的变量数来确定的.

换个角度考虑也很有价值: 允许区域变换大小, 但要求 (某种意义下) 有固定个数的观测值落入其中. 那么较大的区域对应于低密度的范围, 较小的区域对应于高密度的范围.

可以证明, 由该原则得到的估计量可写成带有变窗宽的核估计的形式, 该变窗宽自适应于观测数据点的局部密度. 这种方法冠以各种名称, 如*自适应核估计*, *变窗宽核估计*或*变核估计*. 下面我们回顾三种特殊策略.

自适应方法的动机在于, 固定窗宽可能并不会处处合适. 在数据稀少的区域, 较宽的窗宽有助于防止对异常值过于局部敏感. 相反, 在数据充足的地方, 较窄的窗宽有助于防止过度光滑带来的偏差. 用固定 Sheather-Jones 窗宽再次考虑图 10.5 给出的弓头鲸幼仔洄游次数的核密度估计. 对少于 1 200 和多于 1 270 小时的洄游次数, 估计表现出很多峰值, 然而这些峰值中有多少是真实的, 有多少是抽样变异性引起的假象, 我们并不清楚. 要想充分增加窗宽以光滑掉尾部一些小的峰值, 同时还不要光滑掉 1 200 和 1 270 之间主要的双峰, 这是不可能做到的. 只有窗宽局部的变化才能得到如此改善.

理论上来说, 当 $p = 1$ 时自适应方法比简单的方法没什么优越性, 但实际上在某些例子中某些自适应方法表现得相当有效. 对中等或较大的 p 值, 理论分析表明自适应方法的表现可能比标准核估计方法要好得多, 但这种情况下自适应方法的实际表现并没有被完全理解. 关于自适应方法一些表现的比较可参考 [312,492,532].

1. *最近邻方法*

k 近邻密度估计

$$\hat{f}(\boldsymbol{x}) = \frac{k}{nV_p d_k(\boldsymbol{x})^p} \tag{10.47}$$

是第一个明确采用变窗宽观点的方法 [362]. 该估计量中, $d_k(\boldsymbol{x})$ 为 $\boldsymbol{x}$ 到第 k 个最近观测数据点的欧氏距离, V_p 为 p 维单位球体的体积, 其中 p 为数据的维数. 由于 $V_p = \pi^{p/2}/\Gamma(p/2+1)$, 注意到 $d_k(\boldsymbol{x})$ 为 (10.47) 式中唯一随机的量, 因为它依赖于 $\boldsymbol{X}_1, \cdots, \boldsymbol{X}_n$. 从概念上来讲, $\boldsymbol{x}$ 点处密度的 k 近邻估计为 k/n 除以以 $\boldsymbol{x}$ 为中心包含 n 个观测数据值中 k 个的最小球体的体积. 最近邻中数字 k 起到与窗宽类似的作用: 大的 k 值得到光滑的估计, 小的 k 值得到弯曲的估计.

估计 (10.47) 可以看成是核估计量, 其中窗宽随 $\boldsymbol{x}$ 的变化而变化, 核函数为 p

维单位球体上均匀分布的密度函数. 对任意核, 最近邻估计可以写成

$$\hat{f}(\boldsymbol{x})=\frac{1}{nd_k(\boldsymbol{x})^p}\sum_{i=1}^{n}K\left(\frac{\boldsymbol{x}-\boldsymbol{X}_i}{d_k(\boldsymbol{x})}\right). \tag{10.48}$$

如果 $d_k(\boldsymbol{x})$ 用任意函数 $h_k(x)$ 代替, 这可能不会明确表示距离, 那么建议使用名称*球状估计*, 因为窗宽通过依赖于 $\boldsymbol{x}$ 的函数膨胀或收缩 [532]. 最近邻估计渐进地属于这种类型: 例如, 用 $d_k(\boldsymbol{x})$ 作为均匀核最近邻估计的窗宽渐进地等价于用 $h_k(\boldsymbol{x})=\left(\frac{k}{nV_pf(\boldsymbol{x})}\right)^{1/p}$ 的球形估计窗宽, 因为当 $n\to\infty,k\to\infty$ 且 $k/n\to 0$ 时, $\frac{k}{nV_pd_k(\boldsymbol{x})^p}\to f(\boldsymbol{x})$.

最近邻估计和球形估计都表现出很多令人吃惊的性质. 首先, 选择 K 为密度并不能保证 $\hat{f}$ 也是一个密度; 例如, (10.47) 中的估计量并没有有穷积分. 其次, 当 $p=1$ 且 K 为零均值单位方差的密度时, 选择 $h_k(x)=\frac{k}{2nf(x)}$ 相比于标准的核估计并不能给出任何渐进的改进, 不管 k 如何选择 [492]. 最后, 可以证明当 $h_k(x)=h(x)=\left(\frac{f(x)R(K)}{nf''(x)}\right)^{1/5}$ 时, 一元球形估计的逐点渐进均方误差达到最小. 然而, 即使采用最优的逐点自适应窗宽, 当 f 大概为对称和单峰时, 一元球形估计的渐进效率比普通固定窗宽核估计的渐进效率也没有改善太多. 因此看来当 $p=1$ 时, 最近邻估计和球形估计都不是一个好的选择.

另一方面, 对多元数据, 球形估计表现要好的多. 球形估计的渐进效率大大超过标准多元核估计的渐进效率, 即便是对相对较小的 p 值及对称单峰的数据 [532]. 如果进一步把 (10.48) 推广为

$$\hat{f}(\boldsymbol{x})=\frac{1}{n|\boldsymbol{H}(\boldsymbol{x})|}\sum_{i=1}^{n}K(\boldsymbol{H}(\boldsymbol{x})^{-1}(\boldsymbol{x}-\boldsymbol{X}_i)), \tag{10.49}$$

其中 $\boldsymbol{H}(\boldsymbol{x})$ 为随着 $\boldsymbol{x}$ 的变化而变化的窗宽矩阵, 那么我们有效地允许核形式的贡献随 $\boldsymbol{x}$ 的变化而变化. 当 $\boldsymbol{H}(\boldsymbol{x})=h_k(\boldsymbol{x})\boldsymbol{I}$ 时, 一般形式又变回到了球形估计. 进一步, 令 $h_k(\boldsymbol{x})=d_k(\boldsymbol{x})$ 将得到 (10.48) 式中的最近邻估计. 关于 $\boldsymbol{H}(\boldsymbol{x})$ 更一般的选择在 [532] 中有所提及.

2. 变核方法及变换

变核或样本点自适应估计可写成

$$\hat{f}(\boldsymbol{x})=\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}\frac{1}{h_i^p}K\left(\frac{\boldsymbol{x}-\boldsymbol{X}_i}{h_i}\right), \tag{10.50}$$

其中 K 为多元核, h_i 是以 $\boldsymbol{X}_i$ 为中心的核贡献的窗宽 [60]. 例如, h_i 可能设为从 $\boldsymbol{X}_i$ 到第 k 个最近的其他观测数据点的距离, 这样 $h_i=d_k(\boldsymbol{X}_i)$. 更一般的窗宽矩阵

$\boldsymbol{H}_i$ 依赖于第 i 个抽样点的变核估计也是可能的 (见 (10.49)), 但这里我们只关注较简单的形式.

(10.50) 式中的变核估计是形状相同但尺度不同且以各个观测为中心的多个核的混合. 令窗宽作为 $\boldsymbol{X}_i$ 的函数而不是 $\boldsymbol{x}$ 的函数来变化, 这可以保证不管 K 是不是一个密度, $\hat{f}$ 都是一个密度.

变核方法的最优窗宽依赖于 f. f 的导频估计可用来指导窗宽的调整. 考虑下面的一般策略.

(1) 构造一个导频估计 $\tilde{f}(\boldsymbol{x})$, 其对所有观测 $\boldsymbol{x}_i$ 都严格为正. 例如, 导频估计可采用根据 (10.45) 选择窗宽的正态乘积核密度估计. 如果 $\tilde{f}$ 是以在某个 x_i 可能等于或接近于零的估计为基础的, 那么当估计超过 ϵ 时, 令 $\tilde{f}(\boldsymbol{x})$ 等于估计的密度; 否则令 $\tilde{f}(\boldsymbol{x}) = \epsilon$. 选择任意小的常数 $\epsilon > 0$ 通过对自适应选择的窗宽给出一个上界来进行改善.

(2) 令自适应窗宽为 $h_i = h/\tilde{f}(\boldsymbol{X}_i)^\alpha$, 其中敏感参数 $0 \leqslant \alpha \leqslant 1$. 参数 h 承担窗宽参数的作用, 即可以通过调整来控制最终估计的总体光滑度.

(3) 对窗宽为第 2 步找到的 h_i 应用 (10.50) 的变核估计得到最终的估计.

通过控制窗宽为响应 f 的可疑变化而改变的快慢, 参数 α 影响局部自适应性的程度. 渐进观点和实际经验都支持设定 $\alpha = 1/2$, 这得到 Abramson 的方法 [3]. 很多研究者发现该方法在实际中表现很好 [507,575].

另一种方法是令 $\alpha = 1/p$, 这得到一种与 Breiman,Meisel and Purcell [60] 的自适应核估计渐进等价的方法. 这种选择保证了尺度核获得的观测数据点的个数大概处处相等 [507]. 算法中, 这些作者对 $\tilde{f}$ 用了最近邻方法并对可能依赖于 k 的光滑参数 h 设为 $h_i = hd_k(\boldsymbol{X}_i)$.

例 10.7 (二元 t 分布) 为说明自适应方法潜在的好处, 考虑从大小为 $n = 500$ 的一组样本估计二元 t 分布 (有两个自由度). 在非自适应方法中, 我们采用正态乘积核, 其中每个窗宽由 Sheather-Jones 方法选择. 在自适应方法中, 我们用具有正态乘积核的 Abramson 的变核方法 ($\alpha = 1/2$), 导频估计取非自适应方法的结果, $\epsilon = 0.005$, 且 h 设为非自适应方法中各个坐标窗宽的均值乘以 $\tilde{f}(\boldsymbol{X}_i)^{1/2}$ 的几何均值.

图 10.8 中左边的面板显示了沿 $x_2 = 0$ 这条线上具有两个自由度的二元 t 分布 f 的真实值. 换句话说, 该图显示了真实密度的一个切片. 图 10.8 中间的面板显示了非自适应方法的结果. 估计的尾部表现出不受欢迎的波动, 这是由几个异常值位于的尾部区域处不合适的窄窗宽所引起的. 图 10.8 中右边的面板显示了 Abramson 方法的结果. 窗宽在尾部非常宽, 因此在这些区域得到的估计比固定窗宽方法得到的光滑得多. Abramson 方法在估计的众数附近也用了较窄的窗宽. 对我们的随机样本这表现出轻微的迹象, 但有时这种效果是可以断言的. □

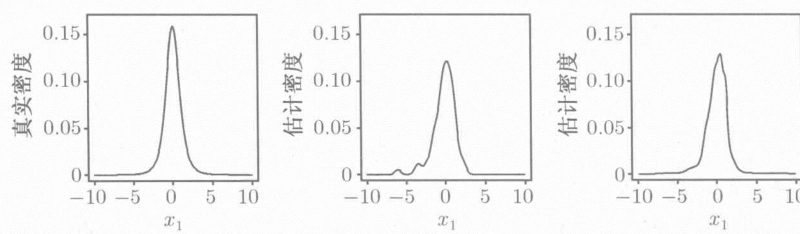


图 10.8 例 10.7 的结果. 图中三个面板显示了在 $x_2 = 0$ 的一维切片上的二元密度值, 从左到右的顺序依次为: 两个自由度的真实二元 t 分布, 用固定窗宽乘积核方法得到的二元估计, 用文中描述的 Abramson 的自适应方法得到的二元估计

讨论了变核方法并关注了其在高维中的应用, 接下来我们考虑一种主要用于一元数据的相关方法. 该方法说明了密度估计中数据变换潜在的好处.

Wand, Marron 和 Ruppert 注意到, 对做过非线性变换的数据进行固定窗宽核密度估计等价于对原始数据用变窗宽核估计 [554]. 变换导致在每个数据点上不同的窗宽 h_i.

假设一元数据 $X_1, \cdots, X_n$ 是来自于密度 f_X 的观测. 令

$$y = t_{\boldsymbol{\lambda}}(x) = \sigma_X t^*_{\boldsymbol{\lambda}}(x)/\sigma_{t^*_{\boldsymbol{\lambda}}(X)} \tag{10.51}$$

表示一个变换, 其中 $t^*_{\boldsymbol{\lambda}}$ 为 f 的支撑到以 $\boldsymbol{\lambda}$ 为参数的实直线的单调递增映射, σ^2_X 和 $\sigma^2_{t^*_{\boldsymbol{\lambda}}(X)}$ 分别为 X 和 $Y = t^*_{\boldsymbol{\lambda}}(X)$ 的方差. 那么 $t_{\boldsymbol{\lambda}}$ 是一种保刻度变换, 它把随机变量 $X \sim f_X$ 映到具有如下密度的 Y:

$$g_{\boldsymbol{\lambda}}(y) = f_X(t^{-1}_{\boldsymbol{\lambda}}(y)) \left| \frac{\mathrm{d}}{\mathrm{d}y} t^{-1}_{\boldsymbol{\lambda}}(y) \right|. \tag{10.52}$$

例如, 如果 X 为标准正态随机变量且 $t^*_{\boldsymbol{\lambda}}(X) = \exp\{X\}$, 那么 Y 和 X 有同样的方差. 然而, 以任何 y 值为中心、固定窗宽为 0.3 的 Y 尺度当变回到 X 尺度时就有变窗宽: 当 $x = -1$ 时窗宽大概为 2.76, 当 $x=1$ 时窗宽只有 0.24. 实际上, 在 $t_{\boldsymbol{\lambda}}$ 中可以使用样本标准差或散布的稳健度量来保持尺度不变.

假设我们用 $t_{\boldsymbol{\lambda}}$ 对数据变换得到 $Y_1, \cdots, Y_n$, 然后对这些变换后的数据构造一个固定窗宽核密度估计, 然后再把生成的估计变回到原来的尺度以得到 f_X 的估计. 从 (10.8) 我们知道对任何给定的 $\boldsymbol{\lambda}$, 对 $g_{\boldsymbol{\lambda}}$ 的核估计, 最小化 AMISE(h) 的窗宽为

$$h_{\boldsymbol{\lambda}} = \left(\frac{R(K)}{n\sigma^4_K R(g''_{\boldsymbol{\lambda}})} \right)^{1/5}. \tag{10.53}$$

由于 $h_{\boldsymbol{\lambda}}$ 依赖于未知的密度 $g_{\boldsymbol{\lambda}}$, 所以插入法建议用 $\hat{R}(g''_{\boldsymbol{\lambda}}) = R(\hat{g}''_{\boldsymbol{\lambda}})$ 来估计 $R(g''_{\boldsymbol{\lambda}})$, 其中 $\hat{g}$ 为用导频窗宽 h_0 得到的核估计. Wand, Marron 和 Ruppert 提出用

Silverman 大拇指法则的正态核来确定 h_0, 从而得到估计

$$\hat{R}(g''_{\boldsymbol{\lambda}}) = \frac{1}{n^2 h_0^5} \sum\sum_{i \neq j} \phi^{(4)} \left(\frac{Y_i - Y_j}{h_0} \right), \tag{10.54}$$

其中 $h_0 = \sqrt{2}\hat{\sigma}_X \left(\frac{84\sqrt{\pi}}{5n^2}\right)^{1/13}$ 且 $\phi^{(4)}$ 为标准正态密度的四阶导数 [554]. 由于 $t_{\boldsymbol{\lambda}}$ 是保尺度的, 所以 $X_1, \cdots, X_n$ 的样本标准差, 设为 $\hat{\sigma}_X$, 对 h_0 的表达式中使用的 Y 的标准差提供了一个估计. 相关导出估计的思想在 [259,492] 中有所讨论.

我们熟悉的 Box-Cox 变换 [51]

$$t_\lambda(x) = \begin{cases} (x^\lambda - 1)/\lambda, & \text{如果 } \lambda \neq 0, \\ \log x, & \text{如果 } \lambda = 0 \end{cases} \tag{10.55}$$

属于 (10.51) 中可以利用的参数化的变换族. 当好的变换可用或是在多元情形下, 变换应使数据更接近于对称和单峰, 基于这种观点很有好处, 因为在此情况下显然固定窗宽核密度估计表现很好.

一元偏态单峰密度情况下, 对变核密度估计的这种变换方法表现很好. 到多元数据的扩展很有挑战性, 且对多峰密度得到的估计也不好. 如果不拘泥于上面所述的形式, 数据分析家通常会用像对数这样的函数把变量变为合适的尺度, 并记住所用的变换以便描述结果甚至进行推断. 当需要对原始数据进行推断时, 我们可以根据对称性及单峰性的图形评价或定量评价寻找一种变换策略, 而不是像上面所描述的那样在一类函数中进行优化.

10.4.4 探索性投影寻踪

探索性投影寻踪主要研究高维密度中的低维结构. 最终的密度估计通过修改标准的多元正态分布以反映发现的结构来构造. 下面描述的方法来自于 Friedman[181], 它推广了以前的工作 [185,296].

本节将会遇到多种变量的各种密度函数. 因此为了记号清楚, 我们把密度函数加一个下标以识别所讨论的密度函数是哪个随机变量的.

假设数据包含 p 维变量 $\boldsymbol{X}_1, \cdots, \boldsymbol{X}_n \sim \text{i.i.d.} f_{\boldsymbol{X}}$ 的 n 个观测. 开始探索性投影追踪之前, 首先对数据变换使其均值为 $\boldsymbol{0}$, 协方差阵为 $\boldsymbol{I}_p$. 这可通过 10.4.2 节所示的白化或球化变换来完成. 令 $f_{\boldsymbol{Z}}$ 表示变换后变量 $\boldsymbol{Z}_1, \cdots, \boldsymbol{Z}_n$ 对应的密度函数. $f_{\boldsymbol{Z}}$ 和 $f_{\boldsymbol{X}}$ 都是未知的. 要估计 $f_{\boldsymbol{X}}$, 只需估计 $f_{\boldsymbol{Z}}$ 然后再反变换得到 $f_{\boldsymbol{X}}$ 的估计. 因此我们主要关心 $f_{\boldsymbol{Z}}$ 的估计.

过程中的几步还依赖于另外一种基于 Legendre 多项式展开的密度估计技巧. Legendre 多项式是 $[-1,1]$ 上定义为 $P_0(u) = 1, P_1(u) = u$ 且对 $j \geqslant 2$, $P_j(u) = [(2j-1)uP_{j-1}(u) - (j-1)P_{j-2}(u)]/j$ 的一列正交多项式, 其有如下性质: 即对所有

j 有 L_2 范数 $\int_{-1}^{1} P_j^2(u)\mathrm{d}u = 2/(2j+1)$, 见 [2, 479]. 这些多项式可以用作一组基来表示 $[-1,1]$ 上的函数. 特别地, 我们可用 Legendre 多项式展开

$$f(x) = \sum_{j=0}^{\infty} a_j P_j(x) \tag{10.56}$$

表示只在 $[-1,1]$ 上有支撑的一元密度 f, 其中

$$a_j = \frac{2j+1}{2} \mathrm{E}\{P_j(X)\} \tag{10.57}$$

且 (10.57) 式中的期望是关于 f 求的. 等式 (10.57) 的成立只需注意到正交性及 P_j 的 L_2 范数即可. 如果观测到 $X_1, \cdots, X_n \sim$ i.i.d. f, 那么 $\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} P_j(X_i)$ 是 $\mathrm{E}\{P_j(X)\}$ 的一个估计. 因此可用

$$\hat{a}_j = \frac{2j+1}{2n} \sum_{i=1}^{n} P_j(X_i) \tag{10.58}$$

作为 f 的 Legendre 展开中系数的估计. 截去 (10.56) 中 $J+1$ 项以后的和得到估计

$$\hat{f}(x) = \sum_{j=0}^{J} \hat{a}_j P_j(x). \tag{10.59}$$

描述完这种 Legendre 展开方法, 我们现在可以开始研究探索性投影寻踪了.

探索性数据寻踪的第一步是投影步. 如果 $Y_i = \boldsymbol{\alpha}^{\mathrm{T}} \boldsymbol{Z}_i$, 那么我们说 Y_i 是 $\boldsymbol{Z}_i$ 在 $\boldsymbol{\alpha}$ 方向上的一维投影. 第一步的目标是把多元观测数据投影到一维直线上, 使得在该直线上投影数据的分布有最多的结构.

投影数据中结构的程度用与正态性的偏离量来度量. 令 $U(y) = 2\Phi(y) - 1$, 其中 Φ 为标准正态累积分布函数. 如果 $Y \sim N(0,1)$, 那么 $U(Y) \sim \mathrm{Unif}(-1,1)$. 要度量 Y 分布的结构, 只需度量 $U(Y)$ 的密度与 $\mathrm{Unif}(-1,1)$ 偏离的程度即可.

定义结构指标为

$$S(\boldsymbol{\alpha}) = \int_{-1}^{1} \left[f_U(u) - \frac{1}{2} \right]^2 \mathrm{d}u = R(f_U) - \frac{1}{2}, \tag{10.60}$$

其中 f_U 为当 $\boldsymbol{Z} \sim f_{\boldsymbol{Z}}$ 时 $U(\boldsymbol{\alpha}^{\mathrm{T}} \boldsymbol{Z})$ 的概率密度函数. 当 $S(\boldsymbol{\alpha})$ 较大时, 投影数据中存在大量的非正态结构. 当 $S(\boldsymbol{\alpha})$ 接近于零时, 投影数据几乎正态. 注意到 $S(\boldsymbol{\alpha})$ 依赖于 f_U, 这是必须要估计的.

要从观测数据估计 $S(\boldsymbol{\alpha})$, 用 f_U 的 Legendre 展开重新把 (10.60) 式中的 $R(f_U)$ 表示为

$$R(f_U) = \sum_{j=0}^{\infty} \frac{2j+1}{2} [\mathrm{E}\{P_j(U)\}]^2, \tag{10.61}$$

其中期望是关于 f_U 取的. 由于 $U(\boldsymbol{\alpha}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{Z}_1),\cdots,U(\boldsymbol{\alpha}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{Z}_n)$ 代表从 f_U 中抽得的样本, 故 (10.61) 式中的期望可用样本距来估计. 如果在 (10.61) 式的求和中也截去 $J+1$ 后的各项, 我们得到

$$\hat{S}(\boldsymbol{\alpha})=\sum_{j=0}^{J}\frac{2j+1}{2}\left(\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}P_j(2\Phi(\boldsymbol{\alpha}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{Z}_i)-1)\right)^2-\frac{1}{2} \tag{10.62}$$

作为 $S(\boldsymbol{\alpha})$ 的估计.

因此, 要估计有最大非正态结构的投影方向, 我们需要关于 $\boldsymbol{\alpha}$ 在 $\boldsymbol{\alpha}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{\alpha}=1$ 的限制下最大化 $\hat{S}(\boldsymbol{\alpha})$. 用 $\hat{\boldsymbol{\alpha}}_1$ 表示求得的方向. 虽然 $\hat{\boldsymbol{\alpha}}_1$ 是由数据估计得到的, 但是当讨论随机向量向该方向投影的分布时我们还把它看成是一个固定量. 例如, 当 $\boldsymbol{Z}\sim f_{\boldsymbol{Z}}$ 时令 $\hat{f}_{\hat{\boldsymbol{\alpha}}_1^{\mathrm{T}}\boldsymbol{Z}}$ 表示 $\hat{\boldsymbol{\alpha}}_1^{\mathrm{T}}\boldsymbol{Z}$ 的一元边际密度, 其中把 $\boldsymbol{Z}$ 看成是随机的, 把 $\hat{\boldsymbol{\alpha}}_1$ 看成是固定的.

探索性投影追踪的第二步是结构移除步骤. 目标是对 $\boldsymbol{Z}_1,\cdots,\boldsymbol{Z}_n$ 应用一种变换使得 $f_{\boldsymbol{Z}}$ 到 $\hat{\boldsymbol{\alpha}}_1$ 的投影密度为标准的正态密度, 而沿其他任何正交方向上的投影分布都不变. 为此, 令 $\boldsymbol{A}_1$ 为标准正交阵且第一行为 $\hat{\boldsymbol{\alpha}}_1^{\mathrm{T}}$. 同时, 对来自于随机向量 $\boldsymbol{V}=V_1,\cdots,V_p$ 的观测, 定义向量变换 $\boldsymbol{T}(\boldsymbol{v})=(\Phi^{-1}(F_{V_1}(v_1)),v_2,\cdots,v_p)$, 其中 F_{V_1} 为 $\boldsymbol{V}$ 中第一个元素的累积分布函数. 那么对 $i=1,\cdots,n$, 令

$$\boldsymbol{Z}_i^{(1)}=\boldsymbol{A}_1^{\mathrm{T}}\boldsymbol{T}(\boldsymbol{A}_1\boldsymbol{Z}_i) \tag{10.63}$$

就可得到想用的变换. (10.63) 中的变换并不能直接达到结构移除的目标, 因为它依赖于和 $\hat{f}_{\hat{\boldsymbol{\alpha}}_1^{\mathrm{T}}\boldsymbol{Z}}$ 相应的累积分布函数. 要解决这个问题, 只需要把累积分布函数用 $\hat{\boldsymbol{\alpha}}_1^{\mathrm{T}}\boldsymbol{Z}_1,\cdots,\hat{\boldsymbol{\alpha}}_1^{\mathrm{T}}\boldsymbol{Z}_n$ 相应的经验分布函数替换就行了. 另一种替换方法见 [298].

我们可把 $\boldsymbol{Z}_i^{(1)},i=1,\cdots,n$ 看成是一种新的数据集. 该数据集包含随机变量 $\boldsymbol{Z}_1^{(1)},\cdots,\boldsymbol{Z}_n^{(1)}$ 的观测值, 其未知分布 $f_{\boldsymbol{Z}^{(1)}}$ 依赖于 $f_{\boldsymbol{Z}}$. 给定到 $\hat{\boldsymbol{\alpha}}_1$ 的投影下, $f_{\boldsymbol{Z}^{(1)}}$ 和 $f_{\boldsymbol{Z}}$ 决定的条件分布有重要的联系. 具体来说, 给定 $\hat{\boldsymbol{\alpha}}_1^{\mathrm{T}}\boldsymbol{Z}_i^{(1)}$ 后 $\boldsymbol{Z}_i^{(1)}$ 的条件分布等于给定 $\hat{\boldsymbol{\alpha}}_1^{\mathrm{T}}\boldsymbol{Z}_i$ 后 $\boldsymbol{Z}_i$ 的条件分布, 因为在生成 $\boldsymbol{Z}_i^{(1)}$ 的结构移除步骤移除了 $\boldsymbol{Z}_i$ 的所有坐标, 而只有第一个没变. 因此

$$f_{\boldsymbol{Z}^{(1)}}(\boldsymbol{z})=\frac{f_{\boldsymbol{Z}}(\boldsymbol{z})\phi(\hat{\boldsymbol{\alpha}}_1^{\mathrm{T}}\boldsymbol{z})}{f_{\boldsymbol{\alpha}_1^{\mathrm{T}}\boldsymbol{Z}}(\boldsymbol{\alpha}_1^{\mathrm{T}}\boldsymbol{z})}. \tag{10.64}$$

等式 (10.64) 并没有给出直接的方式来估计 $f_{\boldsymbol{Z}}$, 但最终证明, 重复上面描述的整个过程还是很有成效的.

假设进行第二个投影步. 当前工作变量 $\boldsymbol{Z}_1^{(1)},\cdots,\boldsymbol{Z}_n^{(1)}$ 到一个新方向上的投影是想分出尽可能多的一维结构. 找这个方向要求根据变换后的样本 $\boldsymbol{Z}_1^{(1)},\cdots,\boldsymbol{Z}_n^{(1)}$ 计算一个新的结构指数, 这将导致估计 $\hat{\boldsymbol{\alpha}}_2$ 作为反映最大结构的投影方向.

进行第二个结构移除步要求对一个合适的矩阵 $\boldsymbol{A}_2$ 重新应用式子 (10.63), 从而产生新的工作变量 $\boldsymbol{Z}_1^{(2)}, \cdots, \boldsymbol{Z}_n^{(2)}$.

重复与 (10.64) 表达的同样的条件分布项使我们把新工作变量产生的密度写为

$$f_{\boldsymbol{Z}^{(2)}}(\boldsymbol{z}) = f_{\boldsymbol{Z}}(\boldsymbol{z}) \frac{\phi(\hat{\boldsymbol{\alpha}}_1^{\mathrm{T}} \boldsymbol{z}) \phi(\hat{\boldsymbol{\alpha}}_2^{\mathrm{T}} \boldsymbol{z})}{f_{\hat{\boldsymbol{\alpha}}_1^{\mathrm{T}} \boldsymbol{Z}}(\hat{\boldsymbol{\alpha}}_1^{\mathrm{T}} \boldsymbol{z}) f_{\hat{\boldsymbol{\alpha}}_2^{\mathrm{T}} \boldsymbol{Z}^{(1)}}(\hat{\boldsymbol{\alpha}}_2^{\mathrm{T}} \boldsymbol{z})}, \tag{10.65}$$

其中 $f_{\hat{\boldsymbol{\alpha}}_2^{\mathrm{T}} \boldsymbol{Z}^{(1)}}$ 是当 $\boldsymbol{Z}^{(1)} \sim f_{\boldsymbol{Z}^{(1)}}$ 时 $\hat{\boldsymbol{\alpha}}_2^{\mathrm{T}} \boldsymbol{Z}^{(1)}$ 的边际密度.

假设投影步和结构移除步都重复迭代了几次. 在某个时刻, 结构的识别与移除都会导致新变量的分布有很少或没有残留结构. 换句话说, 它们的分布在任何可能的一元投影上几乎都是近似正态的. 此时, 迭代停止. 假设共进行了 M 次迭代. 那么 (10.65) 式推广得到

$$f_{\boldsymbol{Z}^{(M)}}(\boldsymbol{z}) = f_{\boldsymbol{Z}}(\boldsymbol{z}) \prod_{m=1}^{M} \frac{\phi(\hat{\boldsymbol{\alpha}}_m^{\mathrm{T}} \boldsymbol{z})}{f_{\hat{\boldsymbol{\alpha}}_m^{\mathrm{T}} \boldsymbol{Z}^{(m-1)}}(\hat{\boldsymbol{\alpha}}_m^{\mathrm{T}} \boldsymbol{z})}, \tag{10.66}$$

其中 $f_{\hat{\boldsymbol{\alpha}}_m^{\mathrm{T}} \boldsymbol{Z}^{(m-1)}}$ 是当 $\boldsymbol{Z}^{(m-1)} \sim f_{\boldsymbol{Z}^{(m-1)}}$ 且 $\boldsymbol{Z}^{(0)} \sim f_{\boldsymbol{Z}}$ 时 $\hat{\boldsymbol{\alpha}}_2^{\mathrm{T}} \boldsymbol{Z}^{(1)}$ 的边际密度.

现在, 等式 (10.66) 可用来估计 $f_{\boldsymbol{Z}}$, 因为——已经从工作变量 $\boldsymbol{Z}_i^{(M)}$ 的分布中排除了所有的结构——我们可以令 $f_{\boldsymbol{Z}^{(M)}}$ 等于 p 维多元正态密度, 记为 ϕ_p. 解 $f_{\boldsymbol{Z}}$ 可得

$$f_{\boldsymbol{Z}}(\boldsymbol{z}) = \phi_p(\boldsymbol{z}) \prod_{m=1}^{M} \frac{f_{\hat{\boldsymbol{\alpha}}_m^{\mathrm{T}} \boldsymbol{Z}^{(m-1)}}(\hat{\boldsymbol{\alpha}}_m^{\mathrm{T}} \boldsymbol{z})}{\phi(\hat{\boldsymbol{\alpha}}_m^{\mathrm{T}} \boldsymbol{z})}. \tag{10.67}$$

尽管该等式仍依赖于未知密度 $f_{\hat{\boldsymbol{\alpha}}_m^{\mathrm{T}} \boldsymbol{Z}^{(m-1)}}$, 但这些可用 Legendre 近似策略去估计. 注意, 如果对 $\boldsymbol{Z}^{(m-1)} \sim f_{\boldsymbol{Z}^{(m-1)}}$ 有 $U^{(m-1)} = 2\Phi(\hat{\boldsymbol{\alpha}}_m^{\mathrm{T}} \boldsymbol{Z}^{(m-1)}) - 1$, 那么

$$f_{U^{(m-1)}}(u) = \frac{f_{\hat{\boldsymbol{\alpha}}_m^{\mathrm{T}} \boldsymbol{Z}^{(m-1)}}\left(\Phi^{-1}((u+1)/2)\right)}{2\phi(\Phi^{-1}((u+1)/2))}. \tag{10.68}$$

通过 $\boldsymbol{Z}_1^{(m-1)}, \cdots, \boldsymbol{Z}_n^{(m-1)}$ 得到的 $U_1^{(m-1)}, \cdots, U_n^{(m-1)}$, 用 $f_{U^{(m-1)}}$ 的 Legendre 展开及样本距来估计

$$\hat{f}_{U^{(m-1)}}(u) = \sum_{j=0}^{J} \left\{ \frac{2j+1}{2} P_j(u) \sum_{i=1}^{n} P_j(U_i^{(m-1)})/n \right\}. \tag{10.69}$$

用 $\hat{f}_{U^{(m-1)}}$ 替换 (10.68) 中的 $f_{U^{(m-1)}}$ 并分出 $f_{\hat{\boldsymbol{\alpha}}_m^{\mathrm{T}} \boldsymbol{Z}^{(m-1)}}$, 可以得到

$$\hat{f}_{\hat{\boldsymbol{\alpha}}_m^{\mathrm{T}} \boldsymbol{Z}^{(m-1)}}(\hat{\boldsymbol{\alpha}}_m^{\mathrm{T}} \boldsymbol{z}) = 2\hat{f}_{U^{(m-1)}}(2\Phi(\hat{\boldsymbol{\alpha}}_m^{\mathrm{T}} \boldsymbol{z}) - 1)\phi(\hat{\boldsymbol{\alpha}}_m^{\mathrm{T}} \boldsymbol{z}). \tag{10.70}$$

因此, 由 (10.67) 得 $f_{\boldsymbol{Z}}(\boldsymbol{z})$ 的估计为

$$\hat{f}(\boldsymbol{z}) = \phi_p(\boldsymbol{z}) \prod_{m=1}^{M} \left\{ \sum_{j=0}^{J} (2j+1) P_j \left(2\Phi(\hat{\boldsymbol{\alpha}}_m^{\mathrm{T}} \boldsymbol{z}) - 1 \right) \bar{P}_{jm} \right\}, \tag{10.71}$$

其中

$$\bar{P}_{jm} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} P_j\left(2\Phi(\hat{\boldsymbol{\alpha}}_m^{\mathrm{T}}\boldsymbol{Z}_i^{(m-1)}) - 1\right) \tag{10.72}$$

是用结构移除过程中储存的工作变量估计的, 且 $\boldsymbol{Z}_i^{(0)} = \boldsymbol{Z}_i$. 通过对 $\hat{f}_{\boldsymbol{Z}}$ 应用变量变换 $\boldsymbol{X} = \boldsymbol{P\Lambda}^{1/2}\boldsymbol{Z} + \bar{\boldsymbol{x}}$ 进行球化变换的逆变换可得到估计 $\hat{f}_{\boldsymbol{X}}$.

估计 $\hat{f}_{\boldsymbol{Z}}$ 受数据中心部分的影响最强, 这主要因为变换 U 把 $f_{\boldsymbol{Z}}$ 尾部的信息压缩到区间 $[-1,1]$ 端点的部分. 在该区间这么窄的范围内, 低阶 Legendre 多项式展开很难获得 $f_{\boldsymbol{U}}$ 的大量特征. 进一步, 影响每个 $\hat{\boldsymbol{\alpha}}_m$ 选择的结构指数对只有投影尾部行为是非正态的方向不会赋以很高的结构. 因此, 探索性投影寻踪应该主要看成是一种方法, 用这种方法提取密度的这些可通过数据的大小尺寸表现出来的重要低维特征, 并重新构造反映这些重要特征的密度估计.

例 10.8 (二元旋转) 为说明探索性投影寻踪, 我们试图重新构造一些二元数据的密度. 假设 $\boldsymbol{W} = (W_1, W_2)$, 其中 $W_1 \sim \text{Gamma}(4,2)$, $W_2 \sim N(0,1)$ 且 W_1 和 W_2 独立. 那么 $\mathrm{E}\{\boldsymbol{W}\} = (2,0)$, $\mathrm{var}\{\boldsymbol{W}\} = \boldsymbol{I}$. 我们用

$$\boldsymbol{R} = \begin{pmatrix} -0.581 & -0.814 \\ -0.814 & 0.581 \end{pmatrix}$$

对 $\boldsymbol{W}$ 进行旋转生成数据 $\boldsymbol{X} = \boldsymbol{RW}$. 令 $f_{\boldsymbol{X}}$ 表示 $\boldsymbol{X}$ 的密度, 这是我们要试图从 $f_{\boldsymbol{X}}$ 中抽得的 $n = 500$ 个样本点去估计的. 由于 $\mathrm{var}\{\boldsymbol{X}\} = \boldsymbol{RR}^{\mathrm{T}} = \boldsymbol{I}$, 故白化变换几乎只是平移 (除理论方差协方差阵和样本方差协方差阵存在轻微差别外).

白化后的数据, $\boldsymbol{z}_1, \cdots, \boldsymbol{z}_{500}$, 在图 10.9 左上角的面板中画出. 从图中可看出有

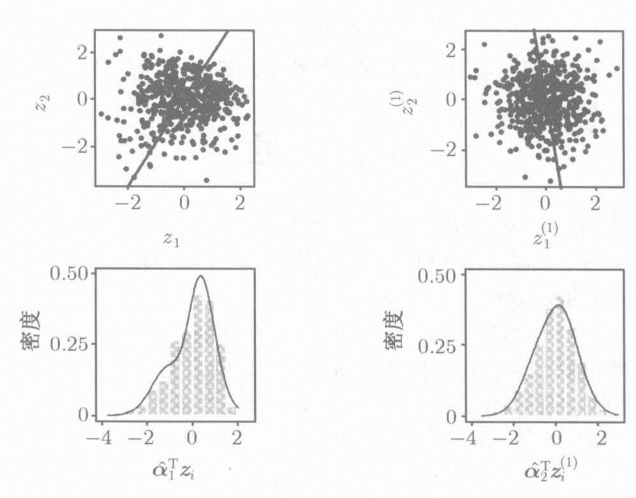


图 10.9 例 10.8 中前两个投影步和结构移除步, 见文中的描述

潜在的 gamma 结构, 因为在该图右上角的点的频率突然下降: $\boldsymbol{Z}$ 和 $\boldsymbol{X}$ 关于 $\boldsymbol{W}$ 逆时针旋转大约 135 度.

揭示最多一元投影结构的方向 $\hat{\boldsymbol{\alpha}}_1$ 用图 10.9 左上角面板中的直线画出. 显然该方向大概对应原始 gamma 分布的坐标. 图 10.9 左下角显示了 $\boldsymbol{z}_i$ 值投影到 $\hat{\boldsymbol{\alpha}}_1$ 上的直方图, 有点非正态分布的样子. 附在该直方图上的曲线对 $\hat{\boldsymbol{\alpha}}_1^{\mathrm{T}}\boldsymbol{Z}$ 用 Legendre 展开策略得到的是一元密度估计. 该例子中, Legendre 多项式的个数设为 $J+1=4$.

把向 $\hat{\boldsymbol{\alpha}}_1$ 方向投影所揭示的结构去掉得到新的工作数据值, $\boldsymbol{z}_1^{(1)},\cdots,\boldsymbol{z}_{500}^{(1)}$, 见图 10.9 右上角面板. 显示最多非正态结构的投影方向 $\hat{\boldsymbol{\alpha}}_2$, 仍用直线表示. 右下角的面板显示了 $\hat{\boldsymbol{\alpha}}_2^{\mathrm{T}}\boldsymbol{z}^{(1)}$ 的直方图及相应的 Legendre 密度估计.

此时, 没必要再进行额外的投影步和结构移除步了: 工作数据几乎是多元正态的. 用 (10.71) 重新构造 $f_{\boldsymbol{Z}}$ 的估计得到图 10.10 所示的密度估计. 图中可以明显看出旋转后的 gamma 正态结构, 其中较厚的 gamma 分布的尾部向左侧延伸而陡峭的尾部在右侧终止. 应用的最后步骤是用 $\boldsymbol{X}$ 的密度而不是 $\boldsymbol{Z}$ 的密度重新描述该结果. □

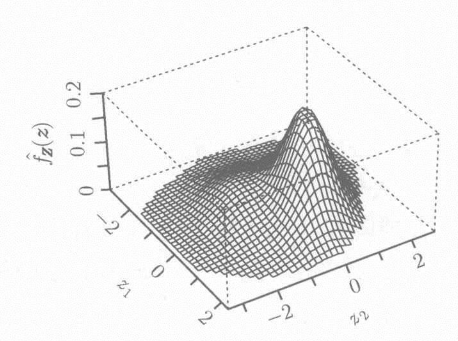


图 10.10　例 10.8 中探索性投影追踪的密度估计 $\hat{f}_{\boldsymbol{Z}}$

问　　题

10.1 Sanders 等人对银河系外物体的红外发射及其他特征提供了一个全面的数据集 [478]. 这些数据可从本书的主页上得到. 令 X 表示标为 F12 的变量的对数, 这是对每个物体 12 微米波段总的流量测量.

(a) 分别用 UCV(h) 准则、Silverman 的大拇指法则、Sheather-Jones 方法、Terrell 的极大光滑原则及其他任何你想用的方法得到的窗宽, 对 X 拟合一个正态核密度估计. 对这些数据从直观上评价每个窗宽的合适性.

(b) 对 X 分别用均匀核、正态核、艾氏核及三权核拟合核密度估计, 且每个都用与正态核时 Sheather-Jones 窗宽等价的窗宽. 对拟合结果加以评论.

(c) 对 X 像 (10.48) 那样用均匀核和正态核拟合最近邻密度估计. 接下来用正态核并令 h 等于固定窗宽估计的 Sheather-Jones 窗宽乘以 $\tilde{f}_{\boldsymbol{X}}(\boldsymbol{x}_i)^{1/2}$ 的几何均值, 对 X

拟合 Abramson 自适应估计.

(d) 如果对数样条密度估计的代码是可获得的, 请用这种方法估计 X 的密度.

(e) 令 $\hat{f}_X$ 表示用 Sheather-Jones 窗宽计算的 X 的正态核密度估计. 注意该窗宽和 Silverman 的大拇指法则给出窗宽的比例. 把数据变回到原来的尺度 (即 $Z = \exp\{X\}$), 并拟合正态核密度估计 $\hat{f}_Z$, 其中窗宽等于按以前比例缩小后的 Silverman 大拇指法则. (这是稳健尺度度量远好于样本标准差的一个例子.) 然后用密度的变量变换公式把 $\hat{f}_X$ 变回到原来的尺度, 并在 0 到 8 之间的区域上比较 Z 的两种密度估计. 进一步尝试研究密度估计与非线性尺度变换之间的关系. 并加以评论.

10.2 本题继续使用银河系外物体的红外线数据及问题 10.1 中的变量 X(12 微米波段流量测量的对数). 数据集也包括 F100 数据: 每个物体 100 微米波段总的流量测量. 用 Y 表示该变量的对数. 用下面的方法对 X 和 Y 的联合密度构造二元密度估计.

(a) 使用标准二元正态核, 其中窗宽矩阵为 $h\boldsymbol{I}_2$. 描述如何选择 h.

(b) 使用二元正态核, 其中窗宽矩阵 $\boldsymbol{H}$ 由 Terrell 的极大光滑原则给出. 找一个常数 c 使窗宽矩阵 $c\boldsymbol{H}$ 给出优良的密度估计.

(c) 使用正态乘积核, 其中每个坐标的窗宽由 Sheather-Jones 方法选择.

(d) 使用正态核的最近邻估计 (10.48). 描述你如何选择 k.

(e) 使用带有正态乘积核的 Abramson 自适应估计, 其中按照例 10.7 的方法选择窗宽.

10.3 由等式 (10.22) 出发, 当 $K(z) = \phi(z) = \frac{\exp\{-z^2/2\}}{\sqrt{2\pi}}$ 时, 按照下列步骤简化 $\mathrm{UCV}(h)$:

(a) 证明

$$\begin{aligned}\mathrm{UCV}(h) = &\frac{1}{n^2h^2}\sum_{i=1}^{n}\int K^2\left(\frac{x-X_i}{h}\right)\mathrm{d}x\\ &+\frac{1}{n(n-1)h^2}\sum_{i=1}^{n}\sum_{j\neq i}\int K\left(\frac{x-X_i}{h}\right)K\left(\frac{x-X_j}{h}\right)\mathrm{d}x\\ &-\frac{2}{n(n-1)h}\sum_{i=1}^{n}\sum_{j\neq i}K\left(\frac{X_i-X_j}{h}\right)\\ =& A+B+C,\end{aligned}$$

其中 A, B 和 C 分别表示上面给出的三项.

(b) 证明 $A = \frac{1}{2nh\sqrt{\pi}}$.

(c) 证明

$$B = \frac{1}{2n(n-1)h\sqrt{\pi}}\sum_{i=1}^{n}\sum_{j\neq i}\exp\left\{\frac{-1}{4h^2}(X_i-X_j)^2\right\}. \tag{10.73}$$

(d) 通过 (10.23) 完成证明.

10.4 重复表 10.2 的前 4 行. 现假设 $\hat{f}$ 是乘积核估计. 你会发现从表达式 $\mathrm{MSE}_h(\hat{f}(\boldsymbol{x})) = \mathrm{var}\{\hat{f}(\boldsymbol{x})\} + (\mathrm{bias}\{\hat{f}(x)\})^2$ 出发并用如下结果是很有帮助的,

$$\phi(x;\mu,\sigma^2)\phi(x;\nu,\tau^2) = \phi\left(x, \frac{\mu\tau^2+\nu\sigma^2}{\sigma^2+\tau^2}, \frac{\sigma^2\tau^2}{\sigma^2+\tau^2}\right)\left(\frac{\exp\left\{-\frac{(\mu-\nu)^2}{2(\sigma^2+\tau^2)}\right\}}{\sqrt{2\pi(\sigma^2+\tau^2)}}\right),$$

其中 $\phi(x;\alpha,\beta^2)$ 表示均值为 α 方差为 β^2 的一元正态密度函数.

10.5 本书的主页上有多方面的数据, 它们都有很强的结构. 具体来说, 这些 4 维数据来自于一个混合分布, 该分布是几乎位于一个 3 维流形上的密度和一个填满 4 维空间的厚尾分布的混合, 且前者权重较低, 后者权重较高.

(a) 估计数据的最小正态一元投影方向. 用一系列的图来猜测一个非正态投影方向, 或根据探索性投影寻踪中投影步描述的方法.

(b) 估计在 (a) 中找到方向的投影数据的一元密度, 方法不限.

(c) 用本章的想法通过任何有价值的方式估计并 (或) 描述这些数据的密度. 讨论所遇到的困难.

第 11 章　二元光滑方法

考虑图 11.1 所示的二元数据. 如果需要的话, 直观上谁都可以画一条光滑的曲线把数据拟合得很好, 然而多数人可能发现要想确切地描述如何做到这一点却非常困难. 为此本节集中介绍几种方法, 并称之为*散点光滑法*.

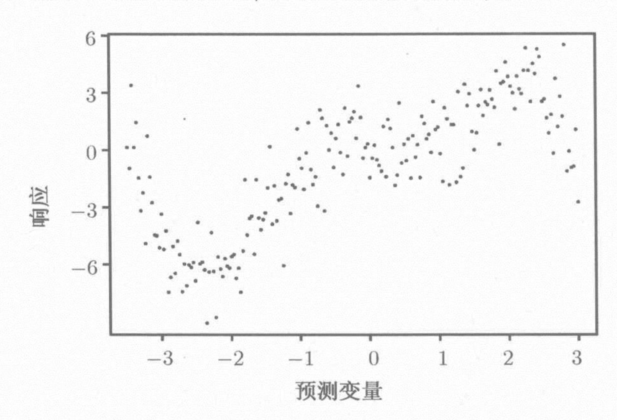


图 11.1　预测–响应数据. 通过这些数据描出的光滑曲线可能显示出多个峰值和凹点

二元数据有效的光滑方法通常比高维问题中更简单, 因此一开始我们只考虑 n 个二元数据点 $(x_i, y_i), i = 1, \cdots, n$ 的情况. 第 12 章涵盖多元数据的光滑方法.

光滑的目标对预测–响应数据与对一般的二元数据是不同的. 对预测–响应数据, 假定随机响应变量 Y 是预测变量 X 值的一个函数 (可能是随机的). 比方说, 对预测–响应数据通常假设的模型是 $Y_i = s(x_i) + \epsilon_i$, 其中 ϵ_i 是零均值的随机噪声, s 是一个光滑函数. 这种情况下, $Y|x$ 的条件分布描述了 Y 如何依赖于 $X = x$. 通过该数据的一条合理的光滑曲线要与预测变量观测值范围内 $Y|x$ 的条件均值联系起来.

与预测–响应数据不同, 一般的二元数据有这样的特点, 即 X 或 Y 都不会明显地作为响应变量出现. 在这种情况下, 总结 (X, Y) 的联合分布比较明智. 一个能抓住 X 和 Y 之间关系主要方面的光滑曲线应该与它们联合密度的脊顶相符合, 当然也有其他合理的选择. 估计这种关系可能比光滑预测–响应数据更有挑战性, 见 11.6 节和 12.2.1 节.

关于光滑技巧的详细讨论的文献包括 [86, 164, 268, 269, 273, 280, 484, 508, 544, 553].

11.1 预测–响应数据

现假设对某个光滑函数 s 有 $\mathrm{E}\{Y|x\} = s(x)$. 因为预测–响应数据的光滑通常集中在条件均值函数 s 的估计上, 因此光滑常称作*非参回归*.

对给定的点 x, 假定 $\hat{s}(x)$ 是 $s(x)$ 的估计. 那么什么估计是最好的呢? 一种自然的方法是用 x 处 (估计) 的均方误差来评价 x 处 $\hat{s}(x)$ 作为 $s(x)$ 估计的质量, 即 $\mathrm{MSE}(\hat{s}(x)) = \mathrm{E}\{[\hat{s}(x) - s(x)]^2\}$, 其中期望是关于响应的联合分布取的. 通过在该表达式的平方项中加减一项 $\mathrm{E}\{\hat{s}(x)|x\}$, 就可直接得到我们熟悉的结果

$$\mathrm{MSE}(\hat{s}(x)) = (\mathrm{bias}\{\hat{s}(x)\})^2 + \mathrm{var}\{\hat{s}(x)\}, \tag{11.1}$$

其中 $\mathrm{bias}\{\hat{s}(x)\} = \mathrm{E}\{\hat{s}(x)\} - s(x)$.

虽然我们通过在平方误差损失下考虑条件均值的估计研究光滑方法, 但其他有些观点也是合理的. 例如, 采用绝对误差损失漂移将会注重 $\mathrm{median}\{Y|x\}$. 因此, 可把光滑更一般地看成是描述 $Y|x$ 分布的中心如何随 x 变化而变化的一种尝试, 这种想法类似于考虑是什么构成分布中心的.

光滑函数 $\hat{s}(x)$ 通常不仅依赖于观测数据 $(x_i, y_i), i = 1, \cdots, n$, 也依赖于一个用户指定的*光滑参数*$\lambda$, 选择的参数值用来控制光滑函数的总体表现. 因此, 以后我们常写成 $\hat{s}_\lambda$ 和 $\mathrm{MSE}_\lambda(\hat{s}_\lambda(x))$.

考虑使用光滑函数 $\hat{s}_\lambda$ 在新的一点 x^* 处响应的预测. 我们引入 $\mathrm{MSE}_\lambda(\hat{s}_\lambda(x^*))$ 来评价 $\hat{s}_\lambda(x^*)$ 作为真实条件均值 $s(x^*) = \mathrm{E}\{Y|X = x^*\}$ 的估计量的质量. 现在要评价光滑函数在 $X = x^*$ 处响应预测的质量, 我们采用 x^* 处的*均方预测误差*, 即

$$\begin{aligned}\mathrm{MSPE}_\lambda(\hat{s}_\lambda(x^*)) &= \mathrm{E}\{(Y - \hat{s}_\lambda(x^*))^2|X = x^*\} \\ &= \mathrm{var}\{Y|X = x^*\} + \mathrm{MSE}_\lambda(\hat{s}_\lambda(x^*)).\end{aligned} \tag{11.2}$$

除了要在个别的 x^* 处有好的预测以外, 对 $\hat{s}_\lambda$ 还有更多的要求. 如果 $\hat{s}_\lambda$ 是一个好的光滑函数, 那么它应该在 x 的范围内达到 $\mathrm{MSPE}_\lambda(\hat{s}_\lambda(x))$ 的极限. 对观测的数据集, $\hat{\boldsymbol{s}}_\lambda = (\hat{s}_\lambda(x_1), \cdots, \hat{s}_\lambda(x_n))$ 的质量好的全局度量应该是 $\overline{\mathrm{MSPE}}_\lambda(\hat{\boldsymbol{s}}_\lambda) = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}\mathrm{MSPE}_\lambda(\hat{s}_\lambda(x_i)$, 即平均均方预测误差. 对光滑函数的质量也有一些其他好的全局度量, 但多数情况下各种选择在某种意义下渐进地不重要了, 即它们都对最优光滑给出等价的渐进指导 [272].

已经讨论了光滑函数表现的理论度量之后, 现在我们把焦点转向构造好表象光滑函数的实际方法. 对预测–响应数据来说, 很难违背的一个观念就是, 光滑函数应该根据某个未知度量, 如条件均值, 来汇总给定 $X_i = x_i$ 时 Y_i 的条件分布, 即便没

有明确假定模型 $Y_i = s(x_i) + \epsilon_i$. 实际上, 不管数据的类型如何, 几乎所有的光滑函数都依赖于*局部平均化*的概念: x 附近 x_i 相应的 Y_i 应该按照某种方式进行平均以搜集 x 处光滑函数合适值的信息.

一般的局部平均光滑函数可写成

$$\hat{s}(x) = \text{ave}\{Y_i | x_i \in \mathcal{N}(x)\}, \tag{11.3}$$

其中"ave"为某个广义的平均函数, $\mathcal{N}(x)$ 为 x 的某个邻域. 选择不同的平均函数 (如平均、加权平均、中位数或 M-估计) 和不同的邻域 (如最近的几个相邻点或某距离内的所有点) 可以产生不同的光滑函数. 一般来说, $\mathcal{N}(x)$ 的形式可能随 x 而变化, 从而在数据的不同区域使用不同的邻域大小或形状.

邻域最重要的特征是它的*跨度*, 这用光滑参数 λ 表示. 一般意义下, 邻域的跨度度量了它的涵盖性: 小跨度的邻域有很强的局部性, 只包含很临近的点; 而大跨度的邻域包含较广的范围. 有多种方法度量邻域的涵盖性, 包括它的*大小*(点的个数), *跨度* (包含样本点的比例), *窗宽*(邻域的物理长度或体积) 及一些以后要讨论的其他概念. 我们用 λ 表示对每个光滑函数究竟哪个概念是最自然的.

光滑参数控制 $\hat{s}_\lambda$ 的波动性. 小跨度的光滑函数往往可以很好地再生局部形态, 但从较远的数据几乎得不到什么信息. 关于局部响应具有有用信息的远处数据被忽略的光滑函数会比不忽略时有较大的变异性.

比较来说, 当作局部预测时, 大跨度的光滑函数从远处数据可得到许多信息. 当这些数据之间有某些关联时就引入了潜在的偏差. 调整 λ 可控制偏差和方差之间的一种平衡.

下面我们介绍构造局部平均光滑函数的某些策略. 本章集中研究预测–响应数据的光滑方法, 但 11.6 节简单涉及了一般二元数据的光滑问题, 这将在第 12 章进一步考虑.

11.2 线性光滑函数

一类重要的光滑函数是*线性光滑函数*. 对这种光滑函数, 在任意点 x 的预测是响应值的一个线性组合. 线性光滑函数比非线性光滑函数计算更快, 且更容易分析.

常常只在观测的 x_i 点上考虑光滑函数的估计就足够了. 对一个预测值向量 $\boldsymbol{x} = (x_1, \cdots, x_n)^{\mathrm{T}}$, 用 $\boldsymbol{Y} = (Y_1, \cdots, Y_n)^{\mathrm{T}}$ 表示相应响应变量的向量, 并定义 $\hat{\boldsymbol{s}} = (\hat{s}(x_1), \cdots, \hat{s}(x_n))^{\mathrm{T}}$. 那么对元素不依赖于 $\boldsymbol{Y}$ 的 $n \times n$ 的光滑矩阵 $\boldsymbol{S}$, 线性光滑函数可用 $\hat{\boldsymbol{s}} = \boldsymbol{SY}$ 来表示. 下面介绍多种线性光滑函数.

11.2.1 常跨度移动平均

一种非常简单的光滑函数是取 k 个邻近点的样本均值:

$$\hat{s}_k(x_i) = \sum_{\{j:\ x_j \in \mathcal{N}(x_i)\}} Y_j/k. \tag{11.4}$$

要求使用奇数 k, 并定义 $\mathcal{N}(x_i)$ 作为 x_i 本身、预测值小于 x_i 的最近的 $(k-1)/2$ 个点以及预测值大于 x_i 的最近的 $(k-1)/2$ 个点. 该 $\mathcal{N}(x_i)$ 称作**对称最近邻**, 而光滑函数常称作**移动平均**.

不失一般性, 今后假设数据对已按 x_i 升序排序. 那么常跨度移动平均光滑函数可写作

$$\hat{s}_k(x_i) = \text{mean}\left\{Y_j : \max\left(i - \frac{k-1}{2}, 1\right) \leqslant j \leqslant \min\left(i + \frac{k-1}{2}, n\right)\right\}. \tag{11.5}$$

为了作图或预测, 我们可在每个 x_i 处计算 $\hat{s}$ 并在中间进行线性内插. 注意, 根据 i 依次进行, 我们可用如下的迭代更新有效地计算 x_{i+1} 处的 $\hat{s}_k$:

$$\hat{s}_k(x_{i+1}) = \hat{s}_k(x_i) - \frac{Y_{i-(k-1)/2}}{k} + \frac{Y_{i+(k+1)/2}}{k}. \tag{11.6}$$

这避免了在每个点重新计算均值. 类似的更新对预测值位于数据边缘的点也成立.

常跨度移动平均光滑函数是一种线性光滑函数. 光滑矩阵 $\boldsymbol{S}$ 的中间几行都形如 $(0\ \cdots\ 0\ \frac{1}{k}\ \cdots\ \frac{1}{k}\ 0\ \cdots\ 0)$. 多数光滑问题的一个重点是如何计算数据边缘附近的 $\hat{s}_k(x_i)$. 例如, x_1 的左边没有 $(k-1)/2$ 个近邻. $\boldsymbol{S}$ 的前 $(k-1)/2$ 行和后 $(k-1)/2$ 行必须进行某种调整. 三种可能选择 (例如对 $k=5$) 分别是: 用

$$\boldsymbol{S} = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \cdots & 0 \\ 1/3 & 1/3 & 1/3 & 0 & 0 & 0 & \cdots & 0 \\ 1/5 & 1/5 & 1/5 & 1/5 & 1/5 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & 1/5 & 1/5 & 1/5 & 1/5 & 1/5 & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & & \vdots \end{pmatrix} \tag{11.7}$$

来收缩对称近邻；用

$$\boldsymbol{S} = \begin{pmatrix} 1/3 & 1/3 & 1/3 & 0 & 0 & 0 & \cdots & 0 \\ 1/4 & 1/4 & 1/4 & 1/4 & 0 & 0 & \cdots & 0 \\ 1/5 & 1/5 & 1/5 & 1/5 & 1/5 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & 1/5 & 1/5 & 1/5 & 1/5 & 1/5 & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & & \vdots \end{pmatrix} \tag{11.8}$$

来修剪近邻；或者 —— 只在循环数据情况下 —— 用

$$
\boldsymbol{S}=\begin{pmatrix}
1/5 & 1/5 & 1/5 & 0 & 0 & 0 & \cdots & 0 & 1/5 & 1/5 \\
1/5 & 1/5 & 1/5 & 1/5 & 0 & 0 & 0 & \cdots & 0 & 1/5 \\
1/5 & 1/5 & 1/5 & 1/5 & 1/5 & 0 & 0 & 0 & \cdots & 0 \\
0 & 1/5 & 1/5 & 1/5 & 1/5 & 1/5 & 0 & 0 & \cdots & 0 \\
\vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & & \vdots
\end{pmatrix} \tag{11.9}
$$

来环盖近邻. 通常首选修剪选择, 这在 (11.5) 中就已暗含了. 由于 k 往往是 n 中相当小的一部分, 因此光滑给出的总的图像受边缘处理的影响并不大, 但不管这件事情如何解释, 读者应该意识到在数据边缘处 $\hat{s}$ 的可靠性已经降低.

例 11.1 (简单数据) 图 11.2 显示了本章开头介绍的数据的常跨度移动平均光滑. 该数据用我们讨论过的多种方法都可以很容易地光滑好. 这些数据是来自模型 $Y_i = s(x_i) + \epsilon_i$ 的 $n = 200$ 个等间距的点, 其中误差项是零均值、标准差为 1.5 的独立同分布的正态噪声. 该数据可从本书的主页上下载. 在图中真实的关系, $s(x) = x^3 \sin\{(x + 3.4)/2\}$, 用虚线所示；估计 $\hat{s}_k(x)$ 用实线所示. 对 $k = 13$ 我们使用一个与 (11.8) 等价的光滑矩阵. 从表明上来看, 结果不太理想：也许这正强调了当用手画一条光滑曲线时不管人们采用什么方法都极其复杂. □

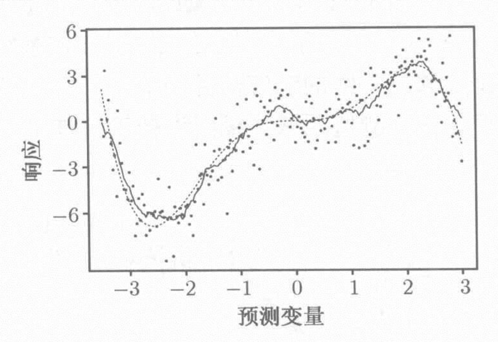


图 11.2 $k = 13$ 时常跨度移动平均光滑函数的结果 (实线), 比较于真实的潜在曲线 (虚线)

1. 跨度的影响

常跨度移动平均光滑函数中一个自然的光滑参数是 $\lambda = k$. 与所有光滑函数一样, 该参数控制波动性, 此处是通过直接控制任何邻域中包含的数据点的个数达到的. 对排序数据和邻域不受数据边缘影响的内点 x_i, (11.5) 给出的 k 跨度移动平均光滑函数有

$$
\mathrm{MSE}_k(\hat{s}_k(x_i)) = \mathrm{E}\left\{\left(s(x_i) - \frac{1}{k}\sum_{j=i-(k-1)/2}^{i+(k-1)/2} Y_j\right)^2\right\}, \tag{11.10}
$$

其中 $s(x_i)=\mathrm{E}\{Y|X=x_i\}$. 显然这可以重新表示为

$$\mathrm{MSE}_k(\hat{s}_k(x_i))=(\mathrm{bias}\{\hat{s}_k(x_i)\})^2+\frac{1}{k^2}\sum_{j=i-(k-1)/2}^{i+(k-1)/2}\mathrm{var}\{Y|X=x_j\}, \tag{11.11}$$

其中

$$\mathrm{bias}\{\hat{s}_k(x_i)\}=s(x_i)-\frac{1}{k}\sum_{j=i-(k-1)/2}^{i+(k-1)/2}s(x_j). \tag{11.12}$$

为理解均方预测误差如何依赖于光滑跨度, 我们使用 (11.11) 并做如下简化的假设: 对所有 $x_j\in\mathcal{N}(x_i)$ 有 $\mathrm{var}\{Y|X=x_j\}=\sigma^2$. 那么

$$\begin{aligned}\mathrm{MSPE}_k(\hat{s}_k(x_i))&=\mathrm{var}\{Y|X=x_i\}+\mathrm{MSE}_k(\hat{s}_k(x_i))\\&=(1+1/k)\sigma^2+(\mathrm{bias}\{\hat{s}_k(x_i)\})^2.\end{aligned} \tag{11.13}$$

因此, 随着邻域大小 k 的增加, (11.13) 中的方差项将会减小, 但是偏差项将会明显增加, 因为 $s(x_i)$ 不太可能与远处 j 的 $s(x_j)$ 类似. 同样地, 如果 k 减小, 那么方差项将会增加, 但偏差项通常将会更小.

例 11.2 (简单数据, 续) 图 11.3 显示了 k 如何影响 $\hat{s}_k$. 图中, $k=3$ 导致一个波动过大的结果. 相反, $k=43$ 导致过于光滑的结果, 但存在系统偏差. 偏差的产生主要是因为当邻域太大时, 邻域边缘的响应值并不能代表中间的响应值. 这往往会消蚀掉峰值, 填充掉凹点并在预测值区域边缘附近把趋势抹平.

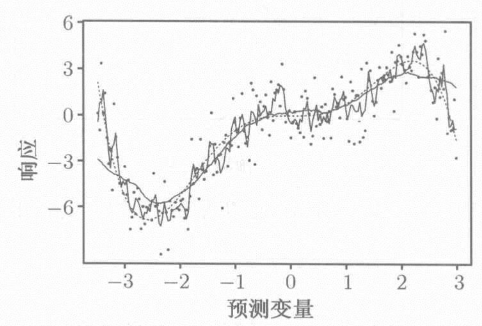


图 11.3 $k=3$(波动较大的实线) 和 $k=43$(较光滑的实线) 时常跨度移动平均光滑函数的结果. 潜在的真实曲线用虚线表示

2. 线性光滑函数的跨度选择

显然 k 的最优选择必须在偏差和方差之间找一个平衡. 对小 k, 估计的曲线是波动的, 但太忠实于数据. 对大 k, 估计的曲线是光滑的, 但某些区域偏差过大. 对所有光滑函数, 光滑参数的作用都是控制偏差和方差之间的一种权衡.

$\overline{\text{MSPE}}_k(\hat{\boldsymbol{s}}_k)$ 的表达式可通过对所有 x_i 平均 (11.13) 式的值得到, 但不能通过最小化该表达式来选择 k, 因为它依赖于未知的期望值. 而且, 选择对观测数据最优的跨度可能更加合理, 而不是对可能观测但没被观测到的数据集平均最优的跨度. 从而, 我们要考虑选择最小化如下残差均方误差的 k

$$\text{RSS}_k(\hat{\boldsymbol{s}}_k)/n = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}(Y_i - \hat{s}_k(x_i))^2. \tag{11.14}$$

然而,

$$\text{E}\{\text{RSS}_k(\hat{\boldsymbol{s}}_k)/n\} = \overline{\text{MSPE}}_k(\hat{\boldsymbol{s}}_k) - \frac{1}{n}\sum_{i \neq j}\text{cov}\{Y_i, \hat{s}_k(x_j)\}. \tag{11.15}$$

对常跨度移动平均来说, 对内点 x_j 有 $\text{cov}\{Y_i, \hat{s}_k(x_j)\} = \text{var}\{Y|X = x_j\}/k$. 因此, $\text{RSS}_k(\hat{\boldsymbol{s}}_k)/n$ 是 $\overline{\text{MSPE}}_k(\hat{\boldsymbol{s}}_k)$ 的一个下偏估计量.

想要去除 Y_i 和 $\hat{s}_k(x_i)$ 的相关性, 当计算 x_i 处的光滑值时可以忽略掉第 i 个点. 该过程称作*交叉验证*[521]; 这只用来评价光滑的表现, 而不用作评价光滑本身拟合的好坏. 用 $\hat{s}_k^{(-i)}(x_i)$ 表示用去掉第 i 个数据对的数据集拟合时在 x_i 处的光滑函数值. $\overline{\text{MSPE}}_k(\hat{\boldsymbol{s}}_k)$ 一个更好的 (实际上悲观的) 估计是

$$\text{CVRSS}_k(\hat{\boldsymbol{s}}_k)/n = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}\left(Y_i - \hat{s}_k^{(-i)}(x_i)\right)^2, \tag{11.16}$$

其中 $\text{CVRSS}_k(\hat{\boldsymbol{s}}_k)$ 称作*交叉验证残差平方和*. 一般用 $\text{CVRSS}_k(\hat{\boldsymbol{s}}_k)$ 对 k 作图.

例 11.3 (简单数据, 续) 图 11.4 对光滑例 11.1 介绍的数据显示了 $\text{CVRSS}_k(\hat{\boldsymbol{s}}_k)$ 对 k 的图. 该图通常对小的 k 由于方差的增加而使 $\text{CVRSS}_k(\hat{\boldsymbol{s}}_k)$ 迅速增加. 对大的 k, 由于偏差的增加而使 $\text{CVRSS}_k(\hat{\boldsymbol{s}}_k)$ 逐渐增加. 表现最好的区域位于曲线最低的部分, 该区域常常很宽并相当平坦. 本例中, k 比较好的选择位于 11 和 23 之间,

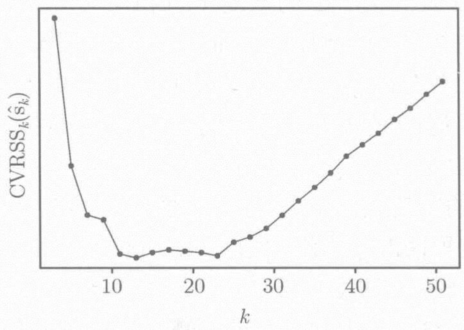


图 11.4 对图 11.1 中数据用常跨度移动平均光滑函数得到的 $\text{CVRSS}_k(\hat{\boldsymbol{s}}_k)$ 对 k 的图. k 较好的选择大概位于 11 和 23 之间. 该范围内较小的值特别有利于减少偏差, 而较大的值将会得到更光滑的拟合

其中 $k = 13$ 是最优的. 关于 k 最小化 $\mathrm{CVRSS}_k(\hat{\boldsymbol{s}}_k)$ 最终得到的光滑函数常常有点波动过大. 在交叉验证图 $\mathrm{CVRSS}_k(\hat{\boldsymbol{s}}_k)$ 表现较好的低谷范围内选一个较大的 k 值可减少光滑不足的发生. 本例中, $k = 13$ 值得一试. □

去掉一个的这种交叉验证方法非常耗费时间, 即便对线性光滑函数也是如此, 因为它要求对稍微不同的数据集分别计算 n 个光滑函数. 有两种捷径值得一提.

第一, 考虑具有光滑矩阵 $\boldsymbol{S}$ 的线性光滑函数. 当从数据集中忽略第 i 个数据对时, 在 x_i 处的正确拟合是一个有点含糊的概念, 即使对常跨度移动平均光滑函数, 因为光滑函数有代表性的计算只是在数据集的 x_i 处. 光滑函数是否应该在与删除的 x_i 附近的两个数据点进行拟合, 在此之间进行线性内插, 或试试其他的一些方法呢? 最明显的一种方法是定义

$$\hat{s}_k^{(-i)}(x_i) = \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^{n} \frac{Y_j S_{ij}}{1 - S_{ii}}, \tag{11.17}$$

其中 S_{ij} 是 $\boldsymbol{S}$ 的第 (i, j) 元. 换句话说, 把 $\boldsymbol{S}$ 的第 (i, j) 元替换为零并把行中其余元素重新调整刻度以使行和为 1, 通过这种方式来改变 $\boldsymbol{S}$ 的第 i 行. 这种情况下, 要计算 $\mathrm{CVRSS}_k(\hat{\boldsymbol{s}}_k)$ 实际上就没有必要删除第 i 个观测并对每个 i 重新计算光滑函数值. 根据 (11.17) 式, 对线性光滑函数可证明, (11.16) 式可重新表达为

$$\mathrm{CVRSS}_k(\hat{\boldsymbol{s}}_k)/n = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} \left(\frac{y_i - \hat{s}_k(x_i)}{1 - S_{ii}} \right)^2. \tag{11.18}$$

该方法与线性回归中计算删除的残差时著名的简便算法类似 [412], 并在 [280] 中做了进一步的证实.

第二, 我们希望通过生成较少的部分数据集, 每个数据集都删除较多的数据点, 以此来减少交叉验证计算的次数. 例如, 我们可以把观测数据集随机地分成 10 份, 然后每次丢掉一份. 那么交叉验证的残差平方和由每份中丢掉的点的残差进行累积. 该方法往往会高估真实的预测误差, 而只丢一个的方法偏差较小但更不稳定; 一般建议选用 5 或 10 部分的交叉验证 (即分成 5~10 份)[281].

上面我们提到, 不同的光滑函数用不同的光滑参数控制波动性. 到目前为止, 我们主要关注最近临的个数 (k) 或部分 (k/n). 另一种合适的选择是, $\mathcal{N}(x) = \{x_i : |x_i - x| < h\}$, 使用正的实值距离 h 作为光滑参数. 也有方案是根据与 x 的接近程度给数据点加权的, 这种情况下光滑参数可能与这些权重有关. 通常在数据的边界附近, 邻域中点的个数较少, 这意味着任何通过交叉验证或其他方法给出的固定跨度在边界附近可能比在数据的中部拟合的更糟. 跨度也允许局部变动. 对这种邻域参数化来说, 画交叉验证残差平方的图以及关于偏差–方差之间的平衡做决定都与前面讨论的方式类似.

交叉验证跨度选择并非仅限于常跨度移动平均光滑函数. 同样的策略对本章中讨论的多数其他光滑都是有效的. 偏差和方差之间的权衡在统计的许多领域都是一个基本的问题: 前面在密度估计中出现过 (第 10 章), 当然它也是所有类型光滑问题的一个主要考虑.

有多种其他方法可以选择散点光滑的跨度, 这导致偏差–方差间不同的权衡 [269, 270, 273, 280, 281]. 一种直接的方法就是把 CVRSS 用另一个准则代替, 如 C_p, AIC 或 BIC [281]. 其他两个流行的选择是*广义交叉验证*和*插入法* [271,475,508]. 在广义交叉验证中, (11.16) 式替换为

$$\mathrm{GCVRSS}_k(\hat{\boldsymbol{s}}_k) = \frac{\mathrm{RSS}_k(\hat{\boldsymbol{s}}_k)}{(1 - \mathrm{tr}\{\boldsymbol{S}\}/n)^2}, \tag{11.19}$$

其中 $\mathrm{tr}\{\boldsymbol{S}\}$ 表示 $\boldsymbol{S}$ 的对角元素之和. 对等间距的 x_i, CVRSS 和 GCVRSS 给出的结果类似. 当数据不是等间距时, 根据 GCVRSS 选择的跨度受对拟合有强影响的观测的影响比较小. 尽管广义交叉验证有这种潜在的优势, 但依靠 GCVRSS 常常会导致严重的光滑不足. 插入法一般对期望的均方预测误差或某个其他拟合准则得出一个表达式, 结果发现其理论最小值依赖于光滑的类型、真实曲线的波动性以及 $Y|x$ 的条件方差. 通过使用非正式选择的跨度 (或通过交叉验证) 完成初始的光滑. 然后用该光滑来估计最优跨度表达式中的未知量并在最终的光滑中使用该结果.

选择一种跨度选择方法使产生的图形能在肉眼看上去最舒服, 这是非常诱人的. 想法很好, 但预先值得承认的是在描述 — 而不是推断 — 统计中散点图光滑常常是一种练习. 因此从试错法或简单的 CVRSS 图选择你最喜欢的跨度, 其合理性与随机支持任何一种技术方法差不多. 由于交叉验证方法选择的跨度随观测的随机数据集而变化, 有时还会光滑不足, 因此对使用者来说, 根据亲自分析和实践经验来发展自己的专长很重要.

11.2.2 移动直线和移动多项式

对任何合理的 k, 常跨度移动平均光滑函数在直观上都表现出令人讨厌的波动性. 同时在边界处可能有很强的偏差, 因为它不能识别数据的局部趋势. 移动直线光滑函数可以同时减轻这两个问题的影响.

考虑对 $\mathcal{N}(x_i)$ 中 k 个数据点拟合一个线性回归模型. 那么在 x 处的最小二乘线性回归预测为

$$\ell_i(x) = \overline{Y}_i + \hat{\beta}_i(x - \bar{x}_i), \tag{11.20}$$

其中 $\bar{Y}_i, \bar{x}_i$ 和 $\hat{\beta}_i$ 分别为 $\mathcal{N}(x_i)$ 中数据的平均响应、平均预测变量值和估计的回归直线斜率. x_i 处的移动直线光滑为 $\hat{s}_k(x_i) = \ell_i(x_i)$.

令 $\boldsymbol{X}_i = (\boldsymbol{1}\ \boldsymbol{x}_i)$, 其中 $\boldsymbol{1}$ 为全 1 列且 $\boldsymbol{x}_i$ 为 $\mathcal{N}(x_i)$ 中预测数据的列向量, 并令 $\boldsymbol{Y}_i$ 为响应数据相应的列向量. 注意到, $\ell_i(x_i)$— 因此在 x_i 处的光滑 — 可通过

$\boldsymbol{H}_i = \boldsymbol{X}_i(\boldsymbol{X}_i^{\mathrm{T}}\boldsymbol{X}_i)^{-1}\boldsymbol{X}_i^{\mathrm{T}}$ 的一行乘以 $\boldsymbol{Y}_i$ 而得到 (通常称 $\boldsymbol{H}_i$ 为第 i 个*帽子矩阵*). 因此该光滑函数是线性的, 其带状光滑矩阵 $\boldsymbol{S}$ 的非零元来自于每个 $\boldsymbol{H}_i$ 适当的行. 直接从 $\boldsymbol{S}$ 计算光滑函数不是非常有效. 对按 x_i 排序的数据, 较快的方法是依次更新回归的充分统计量, 这类似于对移动平均讨论的方法.

例 11.4 (简单数据, 续)　图 11.5 显示了例 11.1 中引入数据的移动直线光滑函数, 其中交叉验证选择的跨度 $k = 23$. 边界影响比较小, 而且光滑函数比常跨度移动平均光滑有较轻的锯齿状. 由于真实曲线往往可通过直线很好地近似, 即使在较宽的邻域内, 因此 k 可以从常跨度移动平均光滑的最优值适当加大. 这样既降低了方差也没有严重增加偏差. □

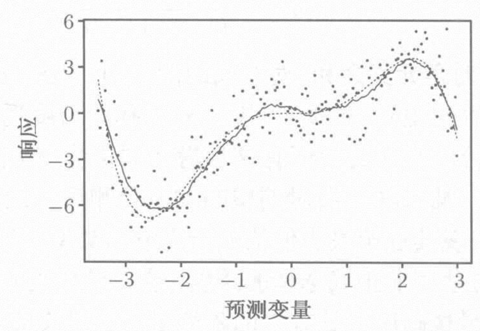


图 11.5　$k = 23$ 的移动直线光滑曲线 (实线) 及潜在的真实曲线 (虚线)

讨论中并不把局部拟合限制为简单的线性回归. 令 $\hat{s}_k(x_i)$ 为 $\mathcal{N}(x_i)$ 中数据的最小二乘多项式回归拟合在 x_i 处的值, 这样可以得到移动多项式光滑函数. 这种光滑函数有时也称作*局部回归光滑函数*(见 11.2.4 节). 奇数阶的多项式比较受欢迎 [168,508]. 由于光滑函数大致是局部线性的, 因此高阶局部多项式回归常常并不优于简单的线性拟合, 除非真实曲线有非常剧烈的摆动.

11.2.3　核光滑函数

就目前为止提出的光滑函数而言, 每当邻域内成员发生变化时, 拟合函数都有不连续的变化. 因此它们往往在统计上拟合得很好, 但直观上表现得过于敏感或出现令人讨厌的波动.

增加光滑性的一种方法是重新定义邻域, 使得各点只是逐渐增加或减少其中的成员数. 令 K 是以 0 为中心的对称核. 核函数本质上是一个权函数 — 这种情况下核函数对邻域成员加权. 一种合理的核选择为标准正态密度, $K(z) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}}\exp\{-z^2/2\}$. 然后令

$$\hat{s}_h(x) = \sum_{i=1}^{n} Y_i \frac{K\left(\frac{x-x_i}{h}\right)}{\sum\limits_{j=1}^{n} K\left(\frac{x-x_j}{h}\right)}, \tag{11.21}$$

其中光滑参数 h 称作**窗宽**. 注意到对许多常用核函数如正态核, 所有的数据点都用来计算每点的光滑值, 只是很远的数据点权重很小而已. 临近性使一个数据点对局部拟合的影响有所增加; 在这种意义下, 局部平均的概念依然存在. 因为在光滑范围内数据点的权重变化较小, 所以大窗宽得到的结果非常光滑. 而小窗宽保证临近点更强大的优势, 因此产生较多的波动.

光滑核的选择远不如窗宽的选择重要. 不同的核函形状往往会产生相似的光滑函数. 尽管核函数不一定是密度函数, 但实际中一般最好还是选择光滑、对称、尾部连续地趋向于零的非负函数. 因此没什么理由在正态核以外去寻找, 尽管很多近似观点支持更多的奇异选择.

核光滑显然是线性光滑. 然而光滑的计算不能像以前有效的方法那样序贯地更新, 因为每当 x 变化时所有点的权重就发生变化. 在等距数据这一特殊情况下, 快速 Fourier 变换方法是很有帮助的 [267, 505]. 关于核光滑更深入的背景请参考文献 [484, 492, 508, 553].

例 11.5 (简单数据, 续) 图 11.6 显示了例 11.1 中数据的核光滑, 其中使用正态核及交叉验证得到的 $h = 0.16$. 由于进出邻域是逐步的, 故结果表现出圆滑的特点. 然而注意到在边界处核光滑并没有去除系统偏差, 移动直线光滑也是如此. □

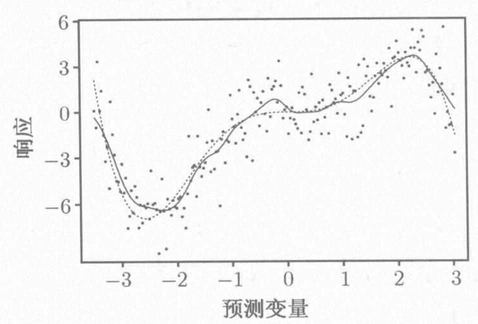


图 11.6 使用由交叉验证得到 $h = 0.16$ 的正态核的核光滑曲线 (实线) 及潜在的真实曲线 (虚线)

11.2.4 局部回归光滑

移动多项式光滑和核光滑有很多重要的联系 [10,268,508]. 假设数据来源于一个随机设计, 因此它们是来自模型 $(X_i, Y_i) \sim$ i.i.d. $f(x, y)$ 的一组随机样本 (非随机的设计将预先给定 x_i 值). 我们记

$$s(x) = \mathrm{E}\{Y|x\} = \int y f(y|x) \mathrm{d}y = \int y \frac{f(x,y)}{f(x)} \mathrm{d}y, \tag{11.22}$$

其中边际地 $X \sim f(x)$. 用第 10 章中介绍的核密度估计方法 (及估计 $f(x, y)$ 的乘积

核), 对合适的核 K_x 及 K_y 和相应的窗宽 h_x 及 h_y, 我们可以估计

$$\hat{f}(x,y)=\frac{1}{nh_xh_y}\sum_{i=1}^{n}K_x\left(\frac{x-X_i}{h_x}\right)K_y\left(\frac{y-Y_i}{h_y}\right) \tag{11.23}$$

及

$$\hat{f}(x)=\frac{1}{nh_x}\sum_{i=1}^{n}K_x\left(\frac{x-X_i}{h_x}\right). \tag{11.24}$$

通过在 (11.22) 式中替换 $\hat{f}(x,y)$ 及 $\hat{f}(x)$ 可得到 $s(x)$ 的 Nadaraya-Watson 估计量 [406,556], 即

$$\hat{s}_{h_x}(x)=\sum_{i=1}^{n}Y_i\frac{K_x(\frac{x-X_i}{h_x})}{\sum_{i=1}^{n}K_x(\frac{x-X_i}{h_x})}. \tag{11.25}$$

注意到这与核光滑的形式是一致的 (见 (11.21) 式).

容易证明, Nadaraya-Watson 估计量关于 β_0 最小化了

$$\sum_{i=1}^{n}(Y_i-\beta_0)^2K_x\left(\frac{x-X_i}{h_x}\right). \tag{11.26}$$

这是用常数来局部近似 $s(x)$ 的最小二乘问题. 很自然地, 该局部常数模型也可用局部高阶多项式模型代替. 根据某核函数设置的权重进行加权回归来拟合局部多项式就得到*局部加权回归光滑*, 也简称为*局部回归光滑*[100,168,553]. p 阶局部多项式回归光滑函数最小化加权的最小二乘准则

$$\sum_{i=1}^{n}[Y_i-\beta_0-\beta_1(x-X_i)-\cdots-\beta_p(x-X_i)^p]^2K_x\left(\frac{x-X_i}{h_x}\right), \tag{11.27}$$

并可用每个 x 处的加权多项式回归去拟合, 其中权重根据与 x 的接近程度由核函数 K_x 决定. 这仍然是一个线性光滑函数, 其中光滑矩阵包括每个加权多项式回归使用的帽子矩阵中的一行.

最小二乘准则也可由其他选择来代替. 见 11.4.1 节关于该技巧的推广, 其依赖于稳健拟合方法.

11.2.5　样条光滑

也许你已发现, 到目前为止本章给出的光滑曲线从视觉上有点不太令人满意, 因为它们波动得比直接用手画出来得还厉害. 它们表现出小尺度的变异, 而肉眼很容易把这种变异归结为随机噪声而不是信号. 那么光滑样条可能更适合你的口味.

假设数据按照预测变量的升序排列, 从而 x_1 是最小的预测变量值, x_n 是最大的预测变量值. 定义

$$Q_\lambda(\hat{s})=\sum_{i=1}^{n}(Y_i-\hat{s}(x_i))^2+\lambda\int_{x_1}^{x_n}\hat{s}''(x)^2\mathrm{d}x, \tag{11.28}$$

其中 $\hat{s}''(x)$ 为 $\hat{s}(x)$ 的二阶导数. 求和算是对拟合不足的惩罚, 而积分是对波动性的惩罚. 参数 λ 控制这两个惩罚的相对权重.

给定 λ, 对所有二次可微函数 $\hat{s}$ 最小化 $Q_\lambda(\hat{s})$, 这是变分法的一种应用. 结果是**三次光滑样条**$\hat{s}_\lambda(x)$. 该函数在每个区间 $[x_i, x_{i+1}](i = 1, \cdots, n-1)$ 上都是三次多项式, 且这些多项式在每个 x_i 处二次连续可微地逐条粘在一起. 尽管这在实际中通常并不可取, 但光滑样条也可定义在数据边界以外的区域. 这种情况下, 光滑函数的外插部分是线性的.

结果证明三次样条是线性光滑函数, 故 $\hat{s}_\lambda = \boldsymbol{SY}$. 文献 [280] 清楚地给出该结果, 而 [124, 506] 中包含了有效的计算方法. 其他关于光滑样条有用的参考文献包括 [143, 164, 245, 551].

$\boldsymbol{S}$ 的第 i 行包括权重 $S_{i1}, \cdots, S_{in}$, 图 11.8 描述了它们与 x_i 之间的关系 (在 11.3 节讨论). 这种权重类似于核函数并不总取正值的核光滑, 但这种情况下当以不同点为中心时核函数不会保持同一形状.

例 11.6 (简单数据, 续) 图 11.7 显示了对例 11.1 中的数据使用交叉验证得到的 $\lambda = 0.066$ 时的样条光滑. 该结果中的曲线与直接用手画出的非常相似. □

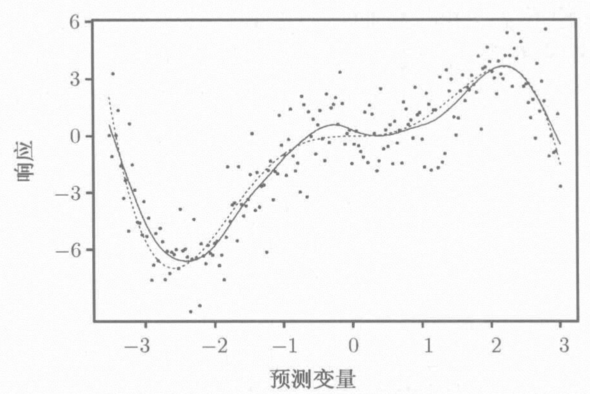


图 11.7 使用由交叉验证选得的 $\lambda = 0.066$ 的三次光滑样条曲线 (实线) 及潜在的真实曲线 (虚线)

惩罚的选择

光滑样条依赖于光滑参数 λ, 该参数和邻域大小的关系不像以前讨论过的光滑函数那样直接. 我们已经注意到, λ 控制着偏差–方差的折中. 当 $\lambda \to \infty$ 时, $\hat{s}_\lambda$ 趋向于最小而成直线. 当 $\lambda = 0$ 时, $\hat{s}_\lambda$ 为只把数据点连接起来的内插样条.

由于光滑样条是线性光滑函数, 因此在 11.2.1 节讨论的跨度选择方法仍然适用. 通过 (11.18) 计算 $\mathrm{CVRSS}_\lambda(\hat{\boldsymbol{s}}_\lambda)$ 需要求 S_{ii}, 这可以通过 [424] 中的方法有效地计算出来. 计算 $\mathrm{GCVRSS}_\lambda(\hat{\boldsymbol{s}}_\lambda)$ 需要求 $tr\{\boldsymbol{S}\}$, 这也可以有效地计算出来 [125].

11.3　线性光滑函数的比较

尽管到目前为止描述的光滑函数看起来不太相同, 但它们都依赖于局部平均原则. 每个拟合都依赖于一个光滑矩阵 $\boldsymbol{S}$, 其行确定在响应值局部平均中使用的权重. 对不同光滑函数比较 $\boldsymbol{S}$ 有代表性的行是理解不同技巧间区别的有用的方式.

当然, 在 $\boldsymbol{S}$ 有代表性的行中的权重依赖于光滑参数. 一般情况下, 与足够光滑相应的 λ 值使得 $\boldsymbol{S}$的行中权重分配得比较分散, 而不是只在少数几个元素上集中较高的权重. 因此要想进行公平的比较, 有必要在不同技巧使用的各种光滑参数间找一种共同的联系. 比较的共同基础是光滑的*等价自由度*数, 对线性光滑函数最简单地可定义其为 $\mathrm{df} = \mathrm{tr}\{\boldsymbol{S}\}$. 几种其他的定义及对非线性光滑函数的推广见 [280].

对固定的自由度来说, $\boldsymbol{S}$ 行中的元素为间距 x_i 及其对数据边界接近程度的函数. 如果把 $\boldsymbol{S}$ 行中权重对预测变量值作图, 我们可把该结果看成是*等价核*, 其权重与核光滑中明确使用的权重是类似的. 图 11.8 对具有 7 个自由度的各种光滑函数比较了等价核. 显示的核是针对 105 个排序的预测变量值中的第 36 个, 其中有 35 个等距地分布在左边, 有 69 个以两倍的密度等距地分布在右边. 注意到这些核可能是偏斜的, 这依赖于 x_i 的间距. 而且核不必处处为正. 图 11.8 中, 光滑样条的等价核在某些区域就赋予了负的权重. 尽管没在图中显示, 但核的形状和数据边界附近的点明显不同. 对这种点一般接近边界时权重增加, 而远离边界时权重下降.

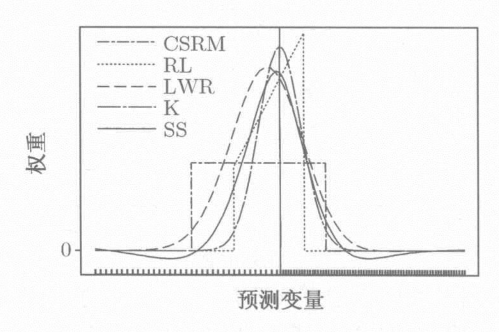


图 11.8　$\mathrm{tr}\{\boldsymbol{S}\} = 7$ 的 5 种不同线性光滑方法的等价核. 这些方法是: 对称邻域的常跨度移动平均 (CSRM)、对称邻域的移动直线 (RL)、局部加权回归 (LWR)、高斯核光滑 (K) 及三次光滑样条 (SS). 内点 (用垂直线表示) 的光滑权和 $\boldsymbol{S}$ 的第 36 行对应. 所有的 105 个 x_i 值在水平轴上用短划线表示: 它们在两边等距分布, 但右边的密度是左边的两倍

11.4　非线性光滑函数

非线性光滑函数计算起来要慢得多, 而且一般情况下它们比简单方法并没有多

大改进. 但是较简单的方法对某些类型的数据表现很差. 在普通的光滑中异常值会引入大量的噪声, 而 loess光滑对异常值的稳健性有所改进. 我们也研究了**超光滑**, 它允许光滑跨度发生变化来最好地满足光滑的局部需要. 当 $\mathrm{var}\{Y|x\}$ 随 x 变化时这种光滑也很有用.

11.4.1 Loess

loess(局部加权散点光滑的简写) 光滑是广泛使用的一种具有良好稳健性质的方法 [98,99]. 本质上这是一种加权移动直线光滑, 除非每条局部直线都用稳健方法而不用最小二乘去拟合. 结果光滑是非线性的.

Loess 是迭代拟合的; 令 t 表示迭代次数. 从 $t=0$ 开始, 我们令 $d_k(x_i)$ 表示 x_i 到其第 k 个近邻的距离, 其中 k(或 k/n) 为光滑参数. 点 x_i 附近局部加权使用的核是

$$K_i(x) = K\left(\frac{x-x_i}{d_k(x_i)}\right), \tag{11.29}$$

其中

$$K(z) = \begin{cases} (1-|z|^3)^3, & \text{当 } |z| \leqslant 1, \\ 0, & \text{否则} \end{cases} \tag{11.30}$$

为**六次的核**.

在第 t 步迭代中通过最小化加权平方和

$$\sum_{j=1}^{n}(Y_j - (\beta_{0,i}^{(t)} + \beta_{1,i}^{(t)}x_j))^2 K_i(x_j) \tag{11.31}$$

可得到第 i 个点局部加权回归的估计参数. 我们把这些估计记为 $\hat{\beta}_{m,i}^{(t)}$, 其中 $m=0,1$ 且 $i=1,\cdots,n$. 建议用线性 — 而不是多项式 — 回归, 但到多项式的推广要求对 (11.31) 式直接变化就行. 局部回归得到的响应变量拟合值为 $\hat{Y}_i^{(t)} = \hat{\beta}_{0,i}^{(t)} + \hat{\beta}_{1,i}^{(t)}x_i$. 此时 t 步迭代结束.

为准备下一步迭代, 根据残差大小把观测赋以新的权重, 目的是使显然的异常值权重下降. 如果 $e_i^{(t)} = Y_i - \hat{Y}_i^{(t)}$, 那么定义稳健权重为

$$r_i^{(t+1)} = B\left(\frac{e_i^{(t)}}{6 \times \mathrm{median}|e_i^{(t)}|}\right), \tag{11.32}$$

其中 $B(z)$ 为如下定义的**双权重核**

$$B(z) = \begin{cases} (1-z^2)^2, & \text{当 } |z| \leqslant 1, \\ 0, & \text{否则.} \end{cases} \tag{11.33}$$

把 (11.31) 中的权 $K_i(x_j)$ 替换为 $r_i^{(t+1)}K_i(x_j)$ 就得到新的局部加权拟合. 对每个 i 生成的估计给出 $\hat{Y}_i^{(t+1)}$. 默认情况下, $t=3$ 以后过程终止 [98,99].

例 11.7 (简单数据, 续)　图 11.9 显示了例 11.1 中的数据的 loess 光滑, 其中 $k=30$ 由交叉验证得到. 结果和移动直线光滑非常相似.

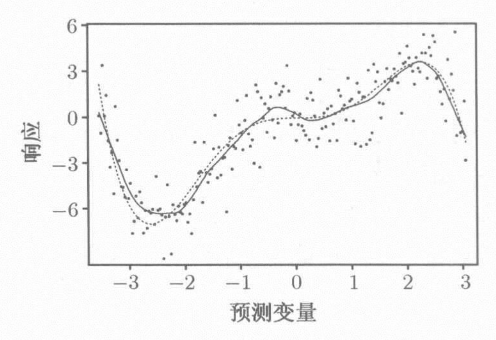


图 11.9　使用交叉验证得到的 $k=30$ 的 loess 光滑曲线 (实线) 及潜在的真实曲线 (虚线)

图 11.10 显示了异常值的影响. 每个面板中的虚线表示最初的 loess 和移动直线光滑; 实线表示在 $(1,-8)$ 的三个额外数据点插入数据集后的结果. 每个光滑的跨度保持不变. Loess 对异常值非常稳健以至于两条曲线几乎重合了. 移动直线光滑对异常值表现得比较敏感. □

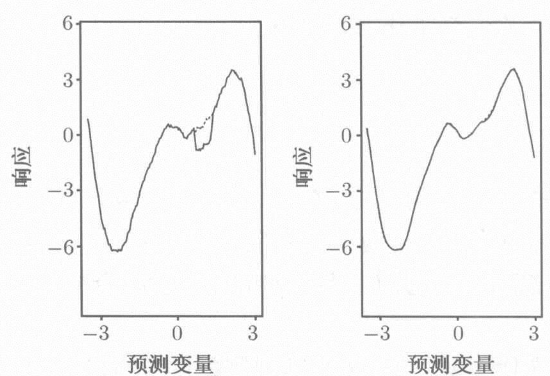


图 11.10　使用 $k=23$ 的移动直线光滑曲线 (左) 及使用 $k=30$ 的 loess 光滑曲线 (右). 每个面板中, 虚线是原始数据的光滑, 实线是在数据集中插入 $(1,-8)$ 处三个新的异常点后的光滑

11.4.2　超光滑

所有以前的方法都采用固定跨度. 然而有的情况采取变跨度可能更合适.

例 11.8 (困难数据)　考虑图 11.11 所示的曲线和数据. 这些数据可从本书主页上下载. 假设这些数据真实的条件均值函数是图中所示的曲线, 因此光滑的目标是用

观测的数据估计该曲线. 曲线在图形的右边波动厉害, 但这些波动可通过适当小跨度的光滑比较好地识别出来, 因为数据的变异性非常小. 在左边, 曲线非常光滑, 但数据的方差大得多. 从而在该区域需要大跨度来充分地光滑受干扰的数据. 因此在一个区域需要小跨度来最小化偏差, 而在另一区域需要大跨度来控制方差. **超光滑**[180,183] 旨在解决这种问题. □

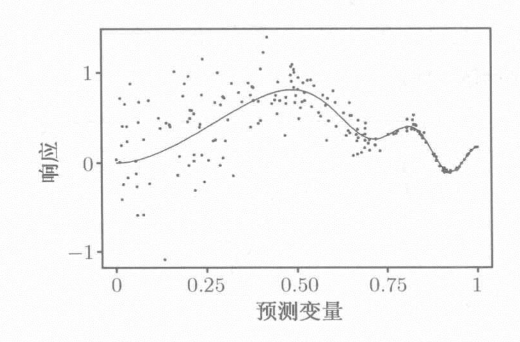


图 11.11 这些具有非常数方差且波动的频率和振幅都在变化的二元数据用多数固定跨度光滑将拟合得非常糟糕. 真实的 $\mathrm{E}\{Y|x\}$ 用实线表示

超光滑方法首先用 m 个不同的跨度, 记为 $h_1, \cdots, h_m$, 计算 m 个不同的光滑, 记为 $\hat{s}_1(x), \cdots, \hat{s}_m(x)$. 对 $m=3$ 建议用跨度 $h_1=0.05n, h_2=0.2n, h_3=0.5n$. 每个光滑应该在数据的整个范围上计算. 为简单起见, 用移动直线光滑生成 $\hat{s}_j(x), j=1,2,3$. 图 11.12 显示了这三个光滑.

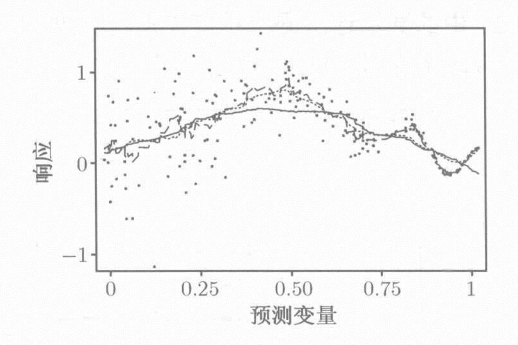


图 11.12 超光滑使用的三个初始的固定窗宽光滑. 窗宽分别是 $0.05n$(虚线), $0.2n$(点线) 和 $0.5n$(实线). 数据点的颜色减弱以使光滑看得更清楚

接下来, 定义 $p(h_j, x)$ 为第 j 个光滑在点 x 处表现的度量, $j=1, \cdots, m$. 理想情况下, 我们想根据 $\mathrm{E}\left\{g(Y_i - \hat{s}_j^{(i)}(x_i))|X=x_i\right\}$ 来评价在点 x_i 的表现, 其中 g 是惩罚大偏差的对称函数, $\hat{s}_j^{(i)}(x_i)$ 是用去掉 x_i 的交叉验证数据集估计的在 x_i 的第

j 个光滑. 当然该期望值是未知的, 所以根据局部平均的范例, 我们用

$$\hat{p}(h_j, x_i) = \hat{s}^*\left(g(Y_i - \hat{s}_j^{(i)}(x_i))\right) \tag{11.34}$$

估计它, 其中 $\hat{s}^*$ 为某固定跨度光滑. 为实施 [180] 中的建议, 令 $\hat{s}^* = \hat{s}_2$ 且 $g(z) = |z|$. 图 11.13 对 3 种不同的光滑给出了光滑的绝对交叉验证残差 $\left|Y_i - \hat{s}_j^{(i)}(x_i)\right|$. 图中的曲线代表 $\hat{p}(h_j, x_i), j = 1, 2, 3$. 每个光滑中使用的数据分别来自于跨度为 $0.05n$(虚线), $0.2n$(点线) 和 $0.5n$(实线) 的光滑的残差, 但每个绝对残差集用 $0.2n$ 的跨度进行光滑以生成图中所示的曲线.

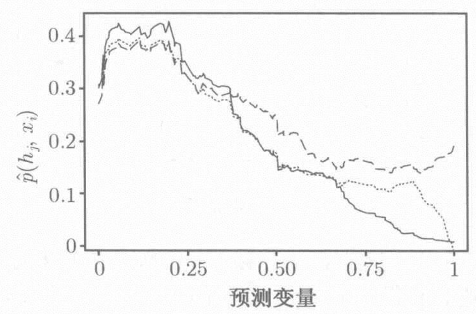


图 11.13　$\hat{p}(h_j, x_i)$, $j = 1$(点线), 2(虚线) 和 3(实线). 对每个 j, 曲线是绝对交叉验证残差的光滑

在每个 x_i, 可用 $\hat{p}(h_j, x_i)$ $(j = 1, 2, 3)$ 来评价 3 个光滑的表现. 用 $\hat{h}_i$ 表示 x_i 处这些跨度中最好的一个, 即 h_1, h_2, h_3 中给出最小 $\hat{p}(h_j, x_i)$ 的某个特定的跨度. 图 11.14 对我们的例子画出了 $\hat{h}_i$ 对 x_i 的图. 最好的跨度变化剧烈, 即使是对临近的 x_i, 因此接下来图 11.14 中的数据通过固定跨度光滑进行过滤来估计作为 x 函数的最优跨度. 用 $\hat{h}(x)$ 表示该光滑. 图 11.14 也画出了 $\hat{h}(x)$.

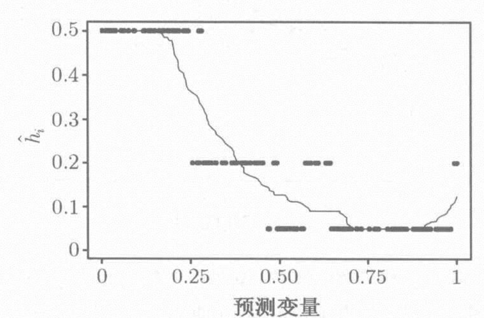


图 11.14　作为 x 函数的最优跨度的超光滑估计. 点对应于 $(x_i, \hat{h}_i)$. 这些点的光滑, 即 $\hat{h}(x)$, 用曲线表示

现在对任何给定的 x 我们有原始数据和最优跨度的概念可用：即 $\hat{h}(x)$. 剩下的就是建立最终总的光滑. 在此可能用到的几种策略中, [180] 推荐设 $\hat{s}(x_i)$ 等于

$\hat{s}_{h^-(x_i)}(x_i)$ 和 $\hat{s}_{h^+(x_i)}(x_i)$ 间的线性内插, 其中在试过的 m 个固定跨度中, $h^-(x_i)$ 是小于 $\hat{h}(x_i)$ 的最大跨度, 且 $h^+(x_i)$ 是大于 $\hat{h}(x_i)$ 的最小跨度. 因此

$$\hat{s}(x_i) = \frac{\hat{h}(x_i) - h^-(x_i)}{h^+(x_i) - h^-(x_i)}\hat{s}_{h^+(x_i)}(x_i) + \frac{h^+(x_i) - \hat{h}(x_i)}{h^+(x_i) - h^-(x_i)}\hat{s}_{h^-(x_i)}(x_i). \tag{11.35}$$

图 11.15 显示了最终结果. 超光滑根据数据的局部变异明智地调整跨度. 比较来看, 对由交叉验证选择的固定 λ, 图中所示的样条光滑在左边光滑不足而在右边过度光滑.

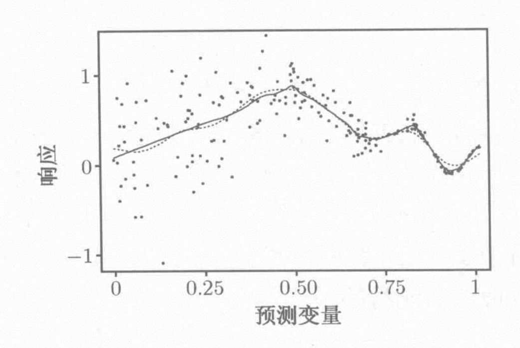


图 11.15 超光滑拟合 (实线). 同时也给出样条光滑拟合 (λ 由交叉验证选择)(点线)

尽管超光滑是一种非线性光滑, 但与多数其他非线性光滑包括 loess 相比, 速度还是非常快的.

11.5 置 信 带

对光滑产生可靠的置信带并不是很直接. 直观上, 期望的图像要能描述从如我们观测到的数据本身好像可能得到的那种光滑曲线的范围和变化. bootstrap 方法 (第 9 章) 给出一种不用参数假设的方法, 但它并没有明确说明哪种区域应该作图.

首先考虑*逐点置信带*的概念. 对残差进行 bootstrap 抽样的过程如下. 令 $\boldsymbol{e}$ 表示残差向量 (因此对线性光滑来说 $\boldsymbol{e} = (\boldsymbol{I} - \boldsymbol{S})\boldsymbol{Y}$). 从 $\boldsymbol{e}$ 中有放回地抽取元素, 得到 bootstrap 的残差 $\boldsymbol{e}^*$. 把它们加到拟合值上得到 bootstrap 的响应 $\boldsymbol{Y}^* = \boldsymbol{Y} + \boldsymbol{e}$. 在 $\boldsymbol{x}$ 上光滑 $\boldsymbol{Y}^*$ 得到 bootstrap 的拟合光滑 $\hat{\boldsymbol{s}}^*$. 重新开始并多次重复 bootstrap. 然后对数据集中的每个 x, 通过在该点删除最大的和最小的几个 bootstrap 拟合, $\hat{s}(x)$ 的 bootstrap 置信区间都可以用分位数方法 (9.3.1 节) 产生. 如果这些逐点置信区间的上界与每个 x 相关, 那么该结果是位于 $\hat{s}(x)$ 上方的一个带. 同时画出上带和相应的下带就给出一个视觉上很吸引人的置信区域.

尽管该方法很诱人, 但它很可能会产生误导. 首先, 置信带由未对同时推断做出调整的逐点置信区间构成. 为把联合覆盖率修正到 95%, 每个单独的区间要代表比 95% 多得多的置信度. 结果将使逐点的置信带大大加宽.

其次, 逐点置信带对所有数据支持的光滑所共有的特征包含的信息量不够. 例如, 所有的光滑可能在同一点都有一个重要的节, 但逐点置信带不一定有此特点. 换句话说, 有可能画出光滑曲线使其完全位于没有这种节点的逐点区域内, 或者甚至是在该点有相反节点的区域内. 类似地, 假设所有的光滑都有同样的曲线形状, 且线性拟合明显较差. 如果置信带较宽或曲线不太苛刻的话, 有可能描出一个线性拟合使其完全位于置信带内. 这种情况下, 逐点置信带不能表达重要的推断信息: 即应该拒绝线性拟合.

例 11.9 (把光滑和原模型比较)　对真实条件均值函数为 $\mathrm{E}\{Y|x\} = x^2$ 的一些数据, 图 11.16 解释了逐点置信带的缺点. 移动直线光滑的光滑跨度通过交叉验证选择, 且逐点 95% 置信带由图中阴影区域表示. 不幸的是, 原模型 $\mathrm{E}\{Y|x\} = 0$ 完全位于逐点置信带内部. 下面我们介绍另外一种能令人信服地拒绝原模型的方法. 图 11.16 也表明, 置信带在数据的边界附近进行了适当的加宽, 以便在有较少邻域观测的这些区域内反应增加的光滑的不确定性. □

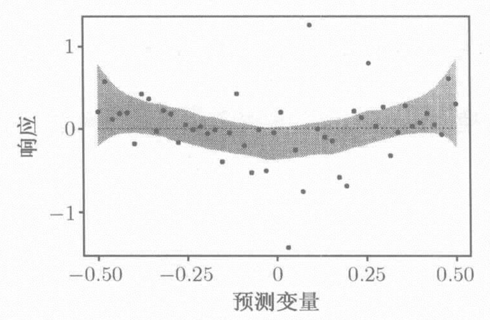


图 11.16　来自 $\mathrm{E}\{Y|x\} = x^2$ 的一些数据的移动直线光滑, 其中跨度由交叉验证选择. 阴影区域表示文中描述的逐点 95% 置信带. 注意直线 $Y = 0$ 完全包含在置信带内部

逐点置信带不能获得正确的联合覆盖率, 这可以通过事后检验 (post hoc) 调整进行修正. 把普通的逐点置信带记为 $(\hat{s}(x) - \hat{L}(x), \hat{s}(x) + \hat{U}(x))$, 其中 $\hat{L}(x)$ 和 $\hat{U}(x)$ 表示在 x 点处上逐点置信带和下逐点置信带离 $\hat{s}(x)$ 有多远. 于是通过寻找至少包含全部 $(1-\alpha)100\%$bootstrap 曲线的置信带 $(\hat{s}(x) - \omega\hat{L}(x), \hat{s}(x) + \omega\hat{U}(x))$ 中最小的 ω 可以使置信带变宽, 其中 $(1-\alpha)100\%$ 是期望的置信水平. 尽管该方法可以提高联合覆盖率, 但它并不会改变置信带的形状.

逐点置信带不能正确地表示 bootstrap 置信集的形状, 这不能归咎于置信带逐点的本质; 更确切地说, 这是因为试图把 n 维置信集降为二维图像所产生的. 即使

使用具有正确联合覆盖率的带宽, 同样的问题依然存在. 基于这个原因, 添加属于联合置信集的多条光滑曲线可能更加合理, 而不用试图去画集合本身的边界. 下面我们给出另一种适合线性光滑的 bootstrap 方法.

假设响应变量有常方差. 在具有该方差的估计量中, Hastie 和 Tibshirani [280] 建议

$$\hat{\sigma}^2 = \frac{\text{RSS}_\lambda(\hat{\boldsymbol{s}}_\lambda)}{n - 2\text{tr}\{\boldsymbol{S}\} + \text{tr}\{\boldsymbol{S}\boldsymbol{S}^\text{T}\}}. \tag{11.36}$$

量

$$V = (\hat{\boldsymbol{s}}_\lambda - \boldsymbol{s})^\text{T} \left(\hat{\sigma}^2 \boldsymbol{S}\boldsymbol{S}^\text{T}\right)^{-1} (\hat{\boldsymbol{s}}_\lambda - \boldsymbol{s}) \tag{11.37}$$

是渐进枢轴的, 因此其分布粗略地与真实的潜在曲线独立. 像上面那样对残差进行 bootstrap 抽样, 每次计算 bootstrap 拟合向量 $\hat{\boldsymbol{s}}^*$, 相应的值为

$$V^* = (\hat{\boldsymbol{s}}_\lambda^* - \hat{\boldsymbol{s}}_\lambda)^\text{T} \left(\hat{\sigma}^{*2} \boldsymbol{S}\boldsymbol{S}^\text{T}\right)^{-1} (\hat{\boldsymbol{s}}_\lambda^* - \hat{\boldsymbol{s}}_\lambda). \tag{11.38}$$

用 V^* 值的集合去构造 V^* 的经验分布. 删除那些 V^* 值位于经验分布极值的 bootstrap 拟合. 叠加地画出余下的光滑 —— 或余下光滑的子集. 这对光滑的不确定性提供了一个有用的图像.

例 11.10 (把光滑和原模型比较, 续) 用移动直线光滑对例 11.9 描述的数据应用上面的方法得到图 11.17. 该图显示的逐点区域与图 11.16 中逐点置信带基本相同, 但图 11.17 可以确定光滑是如同 $y = x^2$ 一样的曲线. 实际上在 1 000 次 bootstrap 迭代中, 只有三个光滑像是具有非正二阶导数的函数. 因此, 这种 bootstrap 方法强烈拒绝原关系 $Y = 0$, 而逐点置信带不能将其排除.

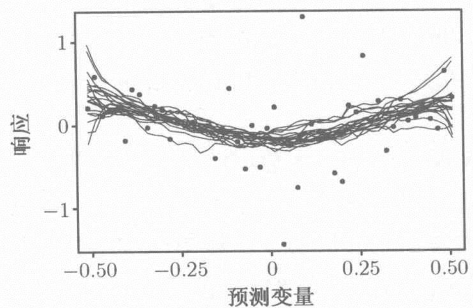


图 11.17 图 11.16 中数据的 20 个 bootstrap 光滑, 其中 V^* 值都位于 bootstrap 分布的 95% 中心区域内; 见例 11.10

文献 [168, 269, 280, 370] 中对评价光滑结果的不确定性给出了多种其他的 bootstrap 方法和非参方法.

11.6　一般二元数据

对一般二元数据, 预测变量和响应变量之间没有明显的区别, 即使这两个变量表现出很强的关系. 因此把变量记为 X_1 和 X_2 更加合理. 作为这种数据的例子, 考虑散点图如图 11.18 所示的两个变量. 这个例子中, 要估计的曲线同 X_1 和 X_2 联合分布的曲线脊顶一致.

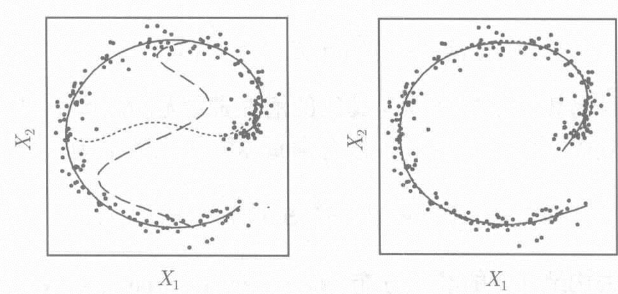


图 11.18　左边面板显示的数据是分散在如下给定的以时间为参数的曲线周围, $(x(\tau), y(\tau)) = ((1-\cos\tau)\cos\tau, (1-\cos\tau)\sin\tau)$, 其中 $\tau \in [0, 3\pi/2]$, 该曲线用实线表示. 点线表示 X_2 对 X_1 的五阶多项式回归的结果, 虚线表示 X_1 对 X_2 的五阶多项式回归的结果. 右边面板显示的是这些数据的主曲线 (实线) 以及真实曲线 (点线). 它们是几乎重叠的

这种问题中随意把一个变量标为预测变量, 把另一个变量标为响应变量是达不到预期目标的. 例如, 图 11.18 左边的面板显示了由普通的五阶多项式回归得到的两个拟合. 每条线都是通过最小化一组残差而得到的, 这些残差平行于响应轴且度量了数据点和拟合曲线间的距离. 一种情况是把 X_1 当作响应变量, 另一种情况是把 X_2 当作响应变量. 结果出现非常不同的答案, 且在这种情况下它们都对真实关系拟合得非常糟.

图 11.18 右边的面板显示了这些数据的另一种曲线拟合. 这里, 曲线是通过最小化数据点和曲线的正交距离而得到的, 并没有指定任何变量为响应变量. 这种方法与任何局部邻域的数据点应该落在曲线附近这一局部平均的观点是相符合的. 正式描述这种想法的方法在 12.2.1 节给出, 该节将讨论对没有明显预测和响应变量区别的一般 p 维数据进行光滑的*主曲线*方法. 令 $p=2$ 就给出了这里的二元情形.

问　　题

11.1　从下面模型中生成 100 个随机点: $X \sim \mathrm{Unif}(0,\pi)$ 和 $Y = g(X)+\epsilon$, 其中独立地 $\epsilon|x \sim \mathrm{N}(0, g(x)^2/64)$, $g(x) = 1+\frac{\sin\{x^2\}}{x^2}$. 用常跨度 (对称最近邻) 移动平均光滑对你的

数据进行光滑. 从交叉验证选的 $2k+1$ $(1 \leqslant k \leqslant 11)$ 中选一个跨度. 具有相同跨度的移动中位数光滑有很大不同吗?

11.2 按照下面描述的用问题 11.1 中的数据来研究核光滑:

(a) 用正态核光滑对数据进行光滑. 使用交叉验证选择核的最优标准偏差.

(b) 定义对称三角分布为

$$f(x;\mu,h)=\begin{cases}0, & 当|x-\mu|>h,\\ (x-\mu+h)/a^2, & 当\mu-h\leqslant x<\mu,\\ (\mu+h-x)/a^2, & 当\mu\leqslant x\leqslant \mu+h.\end{cases}$$

该分布的标准差为 $a/\sqrt{6}$. 用对称三角核光滑对数据进行光滑. 用交叉验证对第一种情形使用的同样的标准差进行搜索并选出最优值.

(c) 令

$$f(x;\mu,h)=c(1+\cos\{2\pi z\log\{|z|+1\}\})\exp\{-z^2/2\},$$

其中 $z=(x-\mu)/h$, 且 c 为常数. 画出该密度函数. 该密度的标准差大约为 $0.90h$. 对数据使用该核进行核光滑. 用交叉验证对前面使用的同样的标准差进行搜索并选出最优值.

(d) 比较用这三种核产生的光滑. 比较它们在最优跨度的 CVRSS 值. 比较最优跨度本身. 对核光滑来说, 对核和跨度的相对重要性给出说明?

11.3 用问题 11.1 的数据按照下面的描述研究移动直线和移动多项式光滑:

(a) 用具有对称最近邻的移动直线光滑对数据进行光滑. 从交叉验证选的 $2k+1$ $(1\leqslant k\leqslant 11)$ 中选一个跨度.

(b) 对 3 阶和 5 阶移动局部多项式光滑重复该过程; 每次在 k 合适的范围内用交叉验证选择最优跨度. (提示: 你可能需要对多项式各项进行正交化, 同时对数据边缘附近较大的跨度要尽可能地降低多项式的次数.)

(c) 对这三种光滑 (局部线性, 三次和五次) 的质量和特点进行评价.

(d) 多项式的阶数和最优跨度之间看上去有关系吗?

(e) 对这三个 CVRSS 图做评价.

11.4 本书的主页上提供了火星大气的温度–压力轮廓图数据, 这是 2003 年由火星全球探测者号太空船用无线电掩星技术测量的 [540]. 气温一般会随着行星中心半径 (海拔) 的升高而降低.

(a) 把气温作为半径的函数分别用光滑样条、loess 及至少一种其他的技术进行光滑. 对每个程序说明所选的跨度是合理的.

(b) 数据集也包含了气温测量的标准误. 对 (a) 部分考虑的光滑分别用合理的加权方案产生加权光滑. 把这些结果与以前的结果进行比较并讨论.

(c) 对你的光滑构造置信带并讨论.

(d) 这些数据来源于太空船 7 个不同的轨道. 这些轨道在火星中穿过的区域有点儿不同. 更加完整的数据集包括轨道号、大气压力、经度、纬度及其他变量, 这可从本书主页的文件 ‘marsall.dat’ 中得到. 初学的学生可光滑一些其他感兴趣的变量对. 高等的学生可试图改进以前的分析, 比如通过调整轨道号或经度和纬度. 这种分析

可能包含参数和非参的模型成分.

11.5 重新生成图 11.8 (提示：样条光滑的核可用合适的响应数据向量由任何软件包生成的拟合反向工程地得到).

(a) 对第二个最小预测值的光滑生成类似于图 11.8 的图. 将其与第一个图作比较.

(b) 对不同的 x_i 和 λ, 从图形上比较三次光滑样条的等价核.

11.6 图 11.19 显示了在强力空气爆炸中暴露的钢板上两个传感器间显示的压力差 [299]. 就在爆炸前后的这段时间有 161 个观测. 图 11.19 中的噪声可归于瞬时清晰度不足及传感器和记录设备的误差；产生这些数据的潜在物理冲击波是光滑的. 这些数据可从本书的主页上得到.

(a) 对这些数据构造一个移动直线光滑, 跨度由观察选择.

(b) 对 $k \in \{3, 5, 7, 11, 15, 20, 30, 50\}$ 作出 $\text{CVRSS}_k(\hat{\mathbf{s}}_k)$ 对 k 的图并做评论.

(c) 对这些数据用任何你想用的光滑和跨度生成最令人满意的光滑. 说明你为什么选择它.

(d) 对这些数据进行光滑以及跨度选择中的困难进行评价.

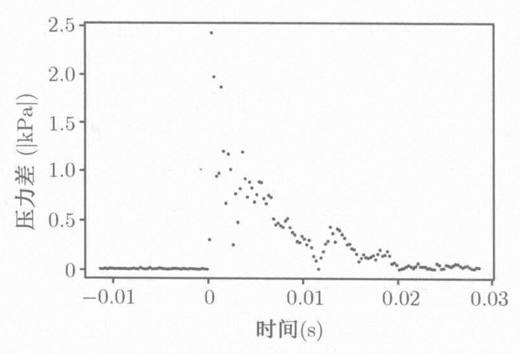


图 11.19 问题 11.6 中空气爆炸压力差别的数据

11.7 对问题 11.6 中的数据及你最喜欢的线性光滑方法, 分别用 11.5 节给出的每种方法对光滑构造置信带, 并进行讨论. (使用样条光滑是非常有趣的.)

第 12 章　多元光滑方法

12.1　预测–响应数据

多元预测–响应光滑方法对观测 $(\boldsymbol{x}_i, y_i)$ 拟合光滑的曲面, 其中 $\boldsymbol{x}_i$ 是有 p 个预测变量的向量, y_i 是相应的响应值. 数值 $y_1, \cdots, y_n$ 看作是随机变量 $Y_1, \cdots, Y_n$ 的观测, 其中 Y_i 的分布依赖于第 i 个预测变量的向量.

第 11 章讨论的许多二元光滑方法都可推广到几个预测变量的情形. 移动直线可用移动平面代替. 一元核可用多元核代替. 样条光滑的一个推广是薄板样条 [245,382]. 除了实际执行这些方法时重大的复杂性外, 在使用多个预测变量时光滑问题的本质也有基本的变化.

维数的祸根是指高维空间是广阔的且数据点没有几个近邻. 当应用到多元密度估计时 10.4.1 节讨论了同样的问题. 考虑体积为 $\pi^{p/2}/\Gamma(\frac{p}{2}+1)$ 的 p 维单位球面. 假设几个 p 维预测变量点均匀地分布在半径为 4 的球内. 在一维情况下, 有 25% 的预测变量期望落在单位球内; 因此单位球对光滑可能是合理的邻域. 表 12.1 表明随着 p 的增加该比例迅速地趋于零. 当全组数据都落在半径为 4 的球内时, 为保持有 25% 的点在邻域内, 若 $p = 20$, 那么邻域球的半径将为 3.73. 因此局部邻域的概念就失效了.

表 12.1　p 维单位球面的体积与半径为 4 的球面的体积之间的比值

p	比　值
1	0.25
2	0.063
3	0.016
4	0.003 9
5	0.000 98
10	9.5×10^{-7}
20	9.1×10^{-13}
100	6.2×10^{-61}

维数的祸根使人们开始关心多元数据光滑的有效性. 有效的局部平均要求在每个邻域内有大量的数据点, 而要找到这些点, 邻域必须伸向大部分的预测空间. 文献 [280,281,484] 描述了多种有效的多元曲面光滑方法.

在地质统计学和空间统计学的研究中发展了大量适合二维和三维情况的光滑

方法. 特别地, Kriging 方法比许多这里考虑的一般光滑有更原则性的推断基础. 我们在此不再深入讨论该方法, 但读者可参考关于空间统计学的书籍, 如 [110,254].

12.1.1　可加模型

简单线性回归基于模型 $\mathrm{E}\{Y|x\} = \beta_0 + \beta_1 x$. 二元预测–响应数据的非参光滑将其推广为 $\mathrm{E}\{Y|x\} = s(x)$, 其中 s 为某光滑函数. 现在我们试图类推到有 p 个预测变量的情形. 多元回归使用模型 $\mathrm{E}\{Y|\boldsymbol{x}\} = \beta_0 + \sum\limits_{k=1}^{p} \beta_k x_k$, 其中 $\boldsymbol{x} = (x_1, \cdots, x_p)^{\mathrm{T}}$. 对光滑的推广是*可加模型*

$$\mathrm{E}\{Y|\boldsymbol{x}\} = \alpha + \sum_{k=1}^{p} s_k(x_k), \tag{12.1}$$

其中 s_k 是第 k 个预测变量的光滑函数. 因此, 总模型由对平均响应具有可加影响的一元效应构成.

拟合这种模型依赖于关系

$$s_k(x_k) = \mathrm{E}\{Y - \alpha - \sum_{j \neq k} s_j(x_j)|\boldsymbol{x}\}, \tag{12.2}$$

其中 x_k 是 $\boldsymbol{x}$ 的第 k 个成分. 假设希望在 x_k^* 处估计 s_k 且假设在该 x_k^* 处观测了第 k 个预测变量的许多重复值, 进一步假设除 s_k 外所有的 s_j $(j \neq k)$ 都已知. 那么 (12.2) 式右边的期望值可用与指标 i 相应的 $Y_i - \alpha - \sum\limits_{j \neq k} s_j(x_{ij})$ 值的平均来估计, 其中第 k 个变量的第 i 个观测满足 $x_{ik} = x_k^*$. 然而对实际数据来说很可能没有这种重复. 该问题可通过光滑来解决: 对第 k 个坐标在 x_k^* 邻域内的所有点上取平均. 另一个问题 (即实际上所有的 s_j 都是未知的) 可以通过光滑步循环迭代来解决, 即根据 (12.2) 那样的分解对所有 $j \neq k$ 的 s_j 用当前最好的猜测更新 s_k.

这种迭代方法称为*后退拟合算法*. 令 $\boldsymbol{Y} = (Y_1, \cdots, Y_n)^{\mathrm{T}}$ 且对每个 k, 令 $\hat{\boldsymbol{s}}_k^{(t)}$ 表示在第 t 次迭代中 $s_k(x_{ik})$ 的估计值 $(i = 1, \cdots, n)$ 构成的向量. 每个观测上估计光滑值的 n 维向量按如下步骤更新:

(1) 令 $\hat{\boldsymbol{\alpha}}$ 为 n 维向量 $(\overline{Y}, \cdots, \overline{Y})^{\mathrm{T}}$. 某些其他响应值的广义平均可替代样本均值 $\overline{Y}$. 令 $t = 0$, 其中 t 表示迭代次数.

(2) 令 $\hat{\boldsymbol{s}}_k^{(0)}$ 代表在观测数据上对逐个坐标光滑的初步猜测. 一种合理的初步猜测是令 $\hat{\boldsymbol{s}}_k^{(0)} = (\hat{\beta}_k x_{1k}, \cdots, \hat{\beta}_k x_{nk})^{\mathrm{T}}$ $(k = 1, \cdots, p)$ 其中 $\hat{\beta}_k$ 是 Y 对预测变量回归时的线性回归系数.

(3) 依次对 $k = 1, \cdots, p$, 令

$$\hat{\boldsymbol{s}}_k^{(t+1)} = \mathrm{smooth}_k(\boldsymbol{r}_k), \tag{12.3}$$

其中

$$\boldsymbol{r}_k = \boldsymbol{Y} - \boldsymbol{\alpha} - \sum_{j<k} \hat{\boldsymbol{s}}_j^{(t+1)} - \sum_{j>k} \hat{\boldsymbol{s}}_j^{(t)} \tag{12.4}$$

且 $\text{smooth}_k(\boldsymbol{r}_k)$ 表示通过对预测变量的第 k 个坐标值, 即 $x_{1k}, \cdots, x_{nk}$, 光滑 $\boldsymbol{r}_k$ 的元素并求在 x_{ik} 的光滑值所得到的向量.

(4) 增加 t 并转入第 3 步.

当 $\hat{\boldsymbol{s}}_k^{(t)}$ 变化都不大时算法终止 —— 也许是当

$$\sum_{k=1}^{p} \left(\hat{\boldsymbol{s}}_k^{(t+1)} - \hat{\boldsymbol{s}}_k^{(t)}\right)^{\mathrm{T}} \left(\hat{\boldsymbol{s}}_k^{(t+1)} - \hat{\boldsymbol{s}}_k^{(t)}\right) \Big/ \sum_{k=1}^{p} \left(\hat{\boldsymbol{s}}_k^{(t)}\right)^{\mathrm{T}} \hat{\boldsymbol{s}}_k^{(t)}$$

非常小时.

要理解为什么该算法管用, 回忆在给定矩阵 $\boldsymbol{A}$ 和常数向量 $\boldsymbol{b}$ 后解 $\boldsymbol{z}$ 的线性系统 $\boldsymbol{Az} = \boldsymbol{b}$ 的 Gauss-Seidel 算法 (2.2.4 节). Gauss-Seidel 程序用初值 $\boldsymbol{z}_0$ 进行初始化. 然后, 在给定其他成分的当前值后依次解 $\boldsymbol{z}$ 的每个成分. 该过程一直迭代到收敛为止.

假设只用线性光滑来拟合可加模型, 且令 $\boldsymbol{S}_k$ 为第 k 个光滑成分的 $n \times n$ 光滑阵. 那么后退拟合算法解由 $\hat{\boldsymbol{s}}_k = \boldsymbol{S}_k\left(\boldsymbol{Y} - \sum_{j \neq k} \hat{\boldsymbol{s}}_j\right)$ 给定的方程组. 用矩阵形式写出该方程组为

$$\begin{pmatrix} \boldsymbol{I} & \boldsymbol{S}_1 & \boldsymbol{S}_1 & \cdots & \boldsymbol{S}_1 \\ \boldsymbol{S}_2 & \boldsymbol{I} & \boldsymbol{S}_2 & \cdots & \boldsymbol{S}_2 \\ \vdots & \vdots & \vdots & & \vdots \\ \boldsymbol{S}_p & \boldsymbol{S}_p & \boldsymbol{S}_p & \cdots & \boldsymbol{I} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{\boldsymbol{s}}_1 \\ \hat{\boldsymbol{s}}_2 \\ \vdots \\ \hat{\boldsymbol{s}}_p \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \boldsymbol{S}_1\boldsymbol{Y} \\ \boldsymbol{S}_2\boldsymbol{Y} \\ \vdots \\ \boldsymbol{S}_p\boldsymbol{Y} \end{pmatrix}, \tag{12.5}$$

它具有形式 $\boldsymbol{Az} = \boldsymbol{b}$, 其中 $\boldsymbol{z} = (\hat{s}_1, \hat{s}_2, \cdots, \hat{s}_p)^{\mathrm{T}} = \hat{\boldsymbol{s}}$. 注意到 $\boldsymbol{b} = \boldsymbol{\Lambda Y}$, 其中 $\boldsymbol{\Lambda}$ 是对角线上为矩阵 $\boldsymbol{S}_k$ 的分块对角矩阵. 由于后退拟合算法作为单独的块依次更新每个向量 $\hat{\mathrm{s}}_k$, 故更正式地应称为**分块 Gauss-Seidel 算法**. 迭代的后退拟合算法更受欢迎, 因为它比直接求 $\boldsymbol{A}$ 逆的方法更快速.

现在我们转向后退拟合算法的收敛性及解的唯一性问题. 这里回顾一下类似的多元回归是很有帮助的. 令 $\boldsymbol{D}$ 表示 $n \times p$ 的设计阵, 其第 i 行为 $\boldsymbol{x}_i^{\mathrm{T}}$, 从而 $\boldsymbol{D} = (\boldsymbol{x}_1, \cdots, \boldsymbol{x}_n)^{\mathrm{T}}$. 考虑解 $\boldsymbol{\beta}$ 的多元回归正规方程 $\boldsymbol{D}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{D}\boldsymbol{\beta} = \boldsymbol{D}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{Y}$. 当任何预测变量线性相关时, 或等价地, 如果 $\boldsymbol{D}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{D}$ 的列线性相关时, $\boldsymbol{\beta}$ 的元素就不能唯一确定. 在这种情况下, 存在向量 $\boldsymbol{\gamma}$ 使得 $\boldsymbol{D}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{D}\boldsymbol{\gamma} = 0$. 因此, 如果 $\hat{\boldsymbol{\beta}}$ 是正规方程的解, 那么对任何的 c, $\hat{\boldsymbol{\beta}} + c\boldsymbol{\gamma}$ 也是一个解.

类似地, 如果存在 $\boldsymbol{\gamma}$ 使 $\boldsymbol{A\gamma} = \boldsymbol{0}$, 那么后退拟合估计方程 $\boldsymbol{A}\hat{\boldsymbol{s}} = \boldsymbol{\Lambda Y}$ 也将没有唯一解. 令 $\mathcal{I}_k$ 表示通过第 k 个未变化光滑的向量所张成的空间. 如果这些

空间线性相关, 那么存在 $\gamma_k \in \mathcal{I}_k$ 使得 $\sum\limits_{k=1}^{p} \gamma_k = \mathbf{0}$. 在此情况下, $\boldsymbol{A\gamma} = \mathbf{0}$, 其中 $\boldsymbol{\gamma} = (\gamma_1, \gamma_2, \cdots, \gamma_p)^{\mathrm{T}}$, 因此不存在唯一解 (见问题 12.1).

该问题更加完整的讨论见 Hastie and Tibshirani [280], 从中可得到如下结果. 假设 p 个光滑是线性的, 且每个 $\boldsymbol{S}_k$ 为特征值在 $[0,1]$ 的对称矩阵. 于是 $\boldsymbol{A\gamma} = \mathbf{0}$ 当且仅当存在线性相关的 $\gamma_k \in \mathcal{I}_k$, 且它经过第 k 个未变化的光滑. 此时, 有很多解满足 $\boldsymbol{A\hat{s}} = \boldsymbol{\Lambda Y}$ 且根据初值的选择, 后退拟合收敛到其中的一个. 否则, 后退拟合收敛到唯一解.

允许模型的可加成分为多元的且对不同的成分允许使用不同的光滑方法, 这可以进一步提高可加模型的灵活性. 例如, 假设有 7 个预测变量 $x_1, \cdots, x_7$, 其中 x_1 是水平取 $1, \cdots, c$ 的离散变量. 那么估计 $\mathrm{E}\{Y|\boldsymbol{x}\}$ 的加法模型可用后退拟合去拟合:

$$\hat{\alpha} + \sum_{i=1}^{c-1} \hat{\delta}_i 1_{\{x_1=i\}} + \hat{s}(x_2) + \hat{p}(x_3) + \hat{t}(x_4, x_5) + \hat{f}(x_6, x_7), \tag{12.6}$$

其中 $\hat{\delta}_i$ 对 X_1 的每个水平允许单独可加的效应, $\hat{s}(x_2)$ 是对 x_2 的样条光滑, $\hat{p}(x_3)$ 是对 x_3 的三次多项式回归, $\hat{t}(x_4, x_5)$ 是 12.1.4 节中递归分块的回归树, $\hat{f}(x_6, x_7)$ 是二元核光滑. 按这种方式对几个预测变量进行分组提供了 Gauss-Seidel 算法执行中的粗糙分块.

例 12.1 (挪威纸) 考虑来自挪威哈尔登某纸厂的一些数据 [9]. 响应是纸中瑕疵的度量, 有 2 个预测变量. (这里的 Y, x_1 和 x_2 分别相当于作者原文中的 $16 - Y_5, X_1$ 和 X_3). 图 12.1 的左边面板显示的是用没有交互项的普通线性模型拟合的响应曲面. 右边面板显示的是对同样数据拟合的可加模型. 估计的 $\hat{s}_k$ 见图 12.2. 显然 x_1 对响应有非线性效应; 在这种意义下可加模型是对线性回归拟合的一种改进. □

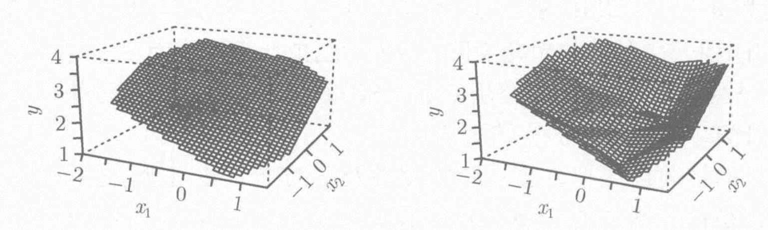


图 12.1 对例 12.1 中挪威纸数据拟合的线性模型 (左) 和可加模型 (右)

12.1.2 广义可加模型

线性回归模型可按几种方式进行推广. 上面我们已经把线性预测变量用光滑的非线性函数替代. 对线性回归的不同推广属于广义线性模型发展的方向 [379].

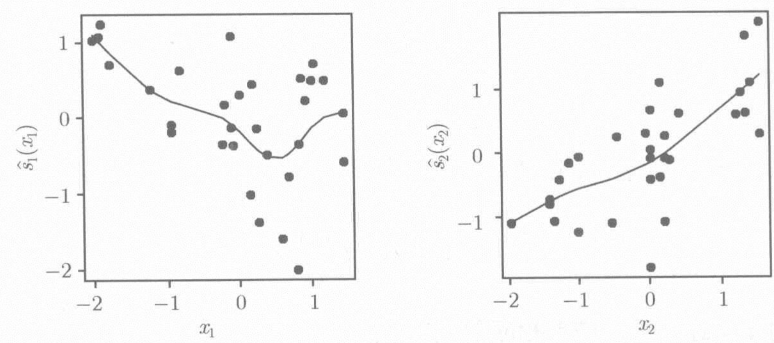


图 12.2 对例 12.1 中挪威纸数据用可加模型拟合的光滑 $\hat{s}_k(x_k)$. 各点是如 (12.3) 式右边给出的偏残差, 即 $\hat{s}_k(x_{ik})$ 加上最终光滑的总残差

假设 $Y|\boldsymbol{x}$ 有指数族分布. 令 $\mu = \mathrm{E}\{Y|\boldsymbol{x}\}$. 广义线性模型假设 μ 的某函数是预测变量的线性函数. 换句话说, 模型为 $g(\mu) = \alpha + \sum_{k=1}^{p} \beta_k x_k$, 其中 g 称为**连接函数**. 例如, 单位连接 $g(\mu) = \mu$ 用于对高斯分布的响应建模, $g(\mu) = \log \mu$ 用作对数线性模型, 而 $g(\mu) = \log\{\frac{\mu}{1-\mu}\}$ 用作对 Bernoulli 数据建模的连接函数.

广义可加模型(GAM) 按照类似于广义线性模型推广线性模型的方式推广了 12.1.1 节的可加模型. 对指数族的响应数据, 选择连接函数 g, 且模型为

$$g(\mu) = \alpha + \sum_{k=1}^{p} s_k(x_k), \tag{12.7}$$

其中 s_k 是第 k 个预测变量的光滑函数. (12.7) 式的右边记为 η 并称之为**可加预测**. GAM 在可加预测中具有非线性光滑效应额外的灵活性, 提供了广义线性模型发展的范围和多样性.

对广义线性模型来说, $\mu = \mathrm{E}\{Y|\boldsymbol{x}\}$ 的估计通过迭代再加权最小二乘去做. 概括来说, 算法在以下两步中交替进行: (i) 构造调整的响应值及相应的权重; (ii) 用调整的响应对预测变量拟合加权线性回归. 这些步骤一直重复到拟合收敛为止.

具体地, 我们在 2.2.1 节第 1 部分描述了拟合指数族广义线性模型的迭代再加权最小二乘法为什么实际上就是 Fisher 得分法. Fisher 得分法基本上受启发于估计参数时对产生更新方程的得分函数的线性化. 更新通过加权线性回归获得. 调整的响应和权重定义为 (2.41). 更新的参数向量包括对调整的响应进行加权线性最小二乘回归得到的系数.

对拟合 GAM 来说, 用加权光滑来替换加权线性回归. 导出的程序称为**局部得分**, 描述如下. 首先令 μ_i 为观测 i 的平均响应, 故 $\mu_i = \mathrm{E}\{Y_i|\boldsymbol{x}_i\} = g^{-1}(\eta_i)$, 其中 η_i 称为可加预测变量的第 i 个值; 令 $V(\mu_i)$ 为方差函数, 即 $\mathrm{var}\{Y_i|\boldsymbol{x}_i\}$ 表示成 μ_i 的函数. 算法如下进行:

(1) 在 $t=0$ 初始化算法. 对 $k=1,\cdots,p$, 令 $\hat{\alpha}^{(0)}=g(\bar{Y}),\hat{s}_k^{(0)}(\cdot)=0$. 这也初始化了与每个观测相应的可加预测变量值 $\hat{\eta}_i^{(0)}=\hat{\alpha}^{(0)}+\sum\limits_{k=1}^{p}\hat{s}_k^{(0)}(x_{ik})$ 及拟合值 $\hat{\mu}_i^{(0)}=g^{-1}(\hat{\eta}_i^{(0)})$.

(2) 对 $i=1,\cdots,p$, 构造调整的响应值

$$z_i^{(t+1)}=\hat{\eta}_i^{(t)}+\left(Y_i-\hat{\mu}_i^{(t)}\right)\left(\left.\frac{\mathrm{d}\mu}{\mathrm{d}\eta}\right|_{\eta=\hat{\eta}_i^{(t)}}\right)^{-1}. \tag{12.8}$$

(3) 对 $i=1,\cdots,n$, 构造相应的权重

$$\omega_i^{(t+1)}=\left(\left.\frac{\mathrm{d}\mu}{\mathrm{d}\eta}\right|_{\eta=\hat{\eta}_i^{(t)}}\right)^2\left(V\left(\hat{\mu}_i^{(t)}\right)\right)^{-1}. \tag{12.9}$$

(4) 用 12.1.1 节中后退拟合算法的加权版本去估计新的可加预测 $\hat{s}_k^{(t+1)}$. 在这一步中, 对调整的响应值 $z_i^{(t+1)}$ 用权重 $w_i^{(t+1)}$ 拟合形如 (12.7) 的加权可加模型, 可得 $\hat{s}_k^{(t+1)}(x_{ik}),i=1,\cdots,n;k=1,\cdots,p$. 下面还会详细描述, 该步也可计算新的 $\hat{\eta}_i^{(t+1)}$ 和 $\hat{\mu}_i^{(t+1)}$.

(5) 计算形如

$$\sum_{k=1}^{p}\sum_{i=1}^{n}\left(\hat{s}_k^{(t+1)}(x_{ik})-\hat{s}_k^{(t)}(x_{ik})\right)^2\Big/\sum_{k=1}^{p}\sum_{i=1}^{n}\left(\hat{s}_k^{(t)}(x_{ik})\right)^2 \tag{12.10}$$

的收敛准则, 且当其较小时停止迭代, 否则, 转入第 2 步.
要回到标准的广义线性模型, 唯一需要变换的是把第 4 步中的光滑用加权最小二乘替换.

第 4 步中的加权可加模型的拟合要求加权的光滑方法. 对线性光滑来说, 引入权重的一种方法是对每个 i 用 $w_i^{(t+1)}$ 乘以 $\boldsymbol{S}$ 第 i 列中的元素. 然后对每行标准化使其求和为 1. 还有些其他更自然的方法对线性光滑 (如样条光滑) 和非线性光滑进行加权. 关于加权光滑和局部得分的进一步讨论请参考 [280,485].

与可加模型一样, GAM 中的线性预测变量不必只包含同种类型的一元光滑. 在 12.1.1 节中关于更一般且更灵活的模型构建想法在此也同样适用.

例 12.2 (药物滥用)　本书的主页上提供了对药物滥用接受社区治疗的 575 位病人的数据 [294]. 响应变量是二元的, 其中 $Y=1$ 表示 1 年内未使用任何药物的病人, 否则 $Y=0$. 我们调查两个预测变量: 以前药物治疗的次数 (x_1) 和病人的年龄 (x_2). 一种简单的广义可加模型为 $Y_i|\boldsymbol{x}_i\sim\mathrm{Bernoulli}(\pi_i)$, 其中

$$\log\left\{\frac{\pi_i}{1-\pi_i}\right\}=\alpha+\beta_1 s_1(x_{i1})+\beta_2 s_2(x_{i2}). \tag{12.11}$$

在拟合算法的第 4 步使用样条光滑. 图 12.3 显示了以概率为尺度画出的拟合响应曲面. 图 12.4 显示了 logit 尺度的拟合光滑 $\hat{s}_k$. 原始的响应数据用 # 号沿每个面板的底部 $(y_i = 0)$ 和顶部 $(y_i = 1)$ 显示.

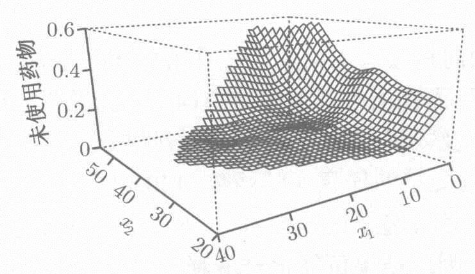


图 12.3 对例 12.2 中描述的药物滥用数据的广义可加模型的拟合. 竖轴对应余下一年内未使用任何药物的预测概率

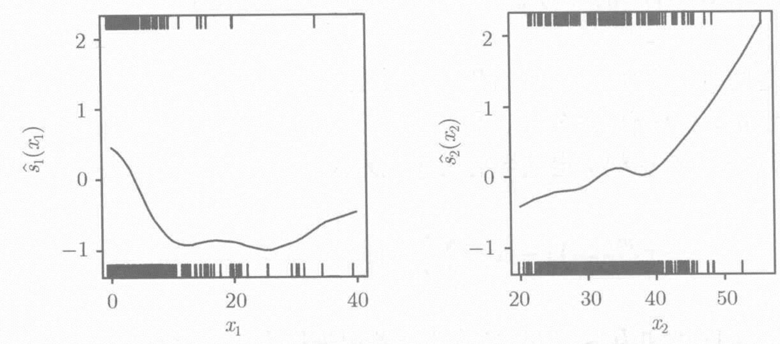


图 12.4 对例 12.2 中药物滥用数据用广义可加模型拟合的光滑函数 $\hat{s}_k$. 沿每个面板的底部 $(y_i = 0)$ 和顶部 $(y_i=1)$ 在相应预测变量值观测的位置用 # 号显示原始的响应数据

12.1.3 与可加模型有关的其他方法

广义可加模型不是推广可加模型的唯一途径. 其他一些方法对预测变量或响应做变换以便对数据提供更有效的模型. 下面我们描述 4 种这样的方法.

1. *投影寻踪回归*

可加模型产生由 p 个可加曲面构成的节点, 每个曲面沿一个坐标轴有非线性轮廓而在正交方向上为常值. 这有助于模型的解释, 因为每个非线性光滑反应一个预测变量的可加效应. 但是, 这也限制了拟合对单个预测变量不具有可加贡献的更一般的曲面和交互效应的能力. *投影寻踪回归*通过允许效应为预测变量一元线性投影的光滑函数从而排除了这一限制 [184,331].

具体来说, 这些模型的形式取为

$$\mathrm{E}\{Y|\boldsymbol{x}\} = \alpha + \sum_{k=1}^{M} s_k(\boldsymbol{a}_k^{\mathrm{T}}\boldsymbol{x}), \tag{12.12}$$

其中每项 $\boldsymbol{a}_k^{\mathrm{T}}\boldsymbol{x}$ 是预测向量 $\boldsymbol{x} = (x_1, \cdots, x_p)^{\mathrm{T}}$ 的一维投影. 因此每个 s_k 具有由 s_k 沿 $\boldsymbol{a}_k$ 方向决定的轮廓, 而在所有其他正交方向上保持常数. 在投影寻踪方法中, 对 $k = 1, \cdots, M$ 估计 x_k 及投影向量 $\boldsymbol{a}_k$ 以得到最优拟合. 对充分大的 M, (12.12) 中的表达式可近似为预测变量的任意连续函数 [140,331].

要拟合这种模型, 必须选择投影数 M. 当 $M > 1$ 时, 模型包含不同线性组合 $\boldsymbol{a}_k^{\mathrm{T}}\boldsymbol{x}$ 的几个光滑函数. 因此结果可能很难解释, 尽管模型对预测很有用. M 的选择是与在多元回归模型中选择各项类似的一个模型选择问题, 因此类似的推理应该也成立. 一种方法是首先拟合一个较小 M 的模型, 然后重复地添加最有效的下一项并重新拟合. 从而可产生一列模型, 直到没有进一步的额外项可以大大改善拟合为止.

对给定的 M, 拟合 (12.12) 可用下列算法来实现.

(1) 从 $m = 0$ 开始, 并令 $\hat{\alpha} = \bar{Y}$.

(2) 增加 m. 对观测 i 定义当前工作残差为

$$r_i^{(m)} = Y_i - \hat{\alpha} - \sum_{k=1}^{m-1} \hat{s}_k(\boldsymbol{a}_k^{\mathrm{T}}\boldsymbol{x}),\ i = 1, \cdots, n, \tag{12.13}$$

其中当 $m = 1$ 时求和为零. 这些当前的残差用来拟合第 m 个投影.

(3) 对任何 p 维向量 $\boldsymbol{a}$ 及光滑 s_m, 定义拟合优度度量为

$$Q(\boldsymbol{a}) = 1 - \frac{\sum_{i=1}^{n}\left(r_i^{(m)} - \hat{s}_m(\boldsymbol{a}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{x}_i)\right)^2}{\sum_{i=1}^{n}\left(r_i^{(m)}\right)^2}. \tag{12.14}$$

(4) 对选择的光滑类型, 关于 $\boldsymbol{a}$ 最大化 $Q(\boldsymbol{a})$ 得到 $\boldsymbol{a}_m$ 和 $\hat{s}_m$. 如果 $m = M$ 则停止, 否则转入第 2 步.

例 12.3 (挪威纸, 续)　我们转向例 12.1 中挪威纸的数据. 图 12.5 显示了对 $M = 2$ 用投影寻踪回归拟合的响应曲面. 对每个投影使用了超光滑 (11.4.2 节). 拟合曲面显示出预测变量间的某些交互效应, 而这些效应在图 12.1 中的两个模型中都没有被抓住. 可加模型对这些预测变量并非完全适合. 图 12.5 中的粗线显示了二元预测数据投影的两个线性方向. 第一个投影方向, 记为 $\boldsymbol{a}_1^{\mathrm{T}}\boldsymbol{x}$, 与任何一个坐标轴的平行方向都差得很远. 这使两个预测变量的交互效应拟合得比较好. 第二个投影几乎

就是 x_1 贡献的额外效应. 为进一步理解拟合的曲面, 我们单独研究 $\hat{s}_k$, 见图 12.6. 这些效应及选择的方向给出了比回归模型或可加模型更一般的拟合. □

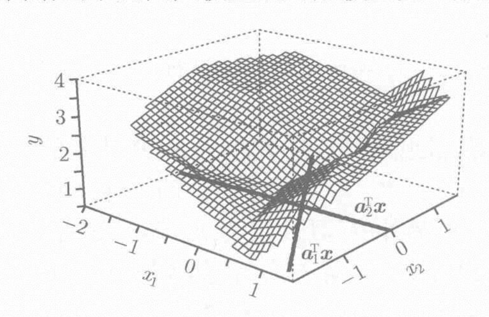


图 12.5 对挪威纸数据用 $M=2$ 的投影寻踪回归拟合的曲面, 见例 12.3 的描述

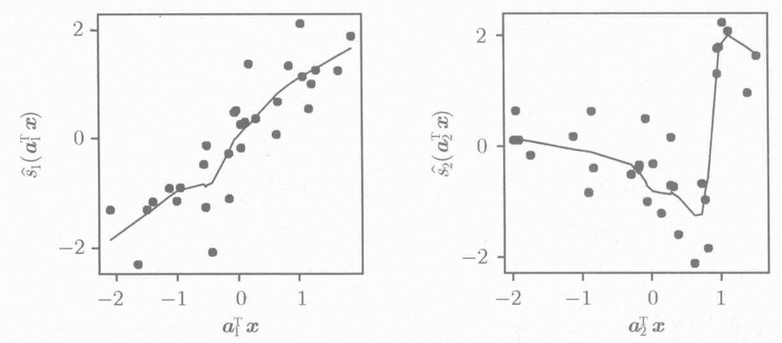


图 12.6 对挪威纸数据用投影寻踪回归模型拟合的光滑函数 $\hat{s}_k$. 当前残差, 即成分拟合的光滑加上总残差, 用点表示并对每个投影 $\boldsymbol{a}_k^{\mathrm{T}}\boldsymbol{x}$ 作图, $k=1,2$

除预测–响应光滑外, 投影寻踪的想法也应用到很多其他邻域, 包括多元响应数据的光滑 [9] 及密度估计 [180]. 另一种方法, 称为多元自适应回归样条 (MARS), 与投影寻踪回归、样条光滑 (12.1.5 节) 及回归树 (12.1.4 节第 1 部分) 等都有联系. MARS 对某些数据集可能表现非常好, 但近来的模拟结果发现对高维数据很值得期待的结果不多 [19].

2. 神经网络

神经网络对连续响应或离散响应都是一种非线性建模方法, 且生成回归模型或分类模型 [44,45,281,457]. 对连续响应 Y 及预测变量 $\boldsymbol{x}$, 一类神经网络模型, 称作**前馈网络**, 可写为

$$g(Y)=\beta_0+\sum_{m=1}^{M}\beta_m f(\boldsymbol{\alpha}_m^{\mathrm{T}}\boldsymbol{x}+\gamma_m), \tag{12.15}$$

其中 $\beta_0,\beta_m,\boldsymbol{\alpha}_m,\gamma_m,m=1,\cdots,M$ 要从数据去估计. 我们可把 $f(\boldsymbol{\alpha}_m^{\mathrm{T}}\boldsymbol{x}+\gamma_m)$ $(m=$

$1,\cdots,M$) 看成类似于预测变量空间的一组基函数. 这些不可直接观测的 $f(\boldsymbol{\alpha}_m^{\mathrm{T}}\boldsymbol{x}+\gamma_m)$ 构成神经网络专业术语中所谓的*隐层*. 通常, 分析者事先选好 M, 但数据驱动的选择也有可能. 在 (12.15) 中, *激活函数*f 的形式一般选为 logistic 函数, 即 $f(z)=\frac{1}{1+\exp\{-z\}}$. 我们用 g 作连接函数. 参数通过最小化平方误差去估计, 即基于梯度的优化.

神经网络和投影寻踪回归相联系, 其中 (12.12) 式中的 s_k 用 (12.15) 式中的参数函数 f 替换, 如 logistic 函数. 对上面给出的简单神经网络模型可进行很多扩展, 如用不同的激活函数考虑另外的隐层, 设为 h. 该层是由 h 在 $f(\boldsymbol{\alpha}_m^{\mathrm{T}}\boldsymbol{x}+\gamma_m)(m=1,\cdots,M)$ 的许多线性组合上的估计构成的, 其大概可作为第一个隐层的一组基. 神经网络在某些邻域非常普及, 而且有大量的软件可用来拟合这些模型.

3. 交替条件期望

交替条件期望 (ACE) 拟合如下形式的模型

$$\mathrm{E}\{g(Y)|\boldsymbol{x}\}=\alpha+\sum_{k=1}^{p}s_k(x_k), \tag{12.16}$$

其中 g 是响应的光滑函数 [58]. 与本章中多数其他的方法不同, ACE 把预测变量看成是随机变量 $\boldsymbol{X}$ 的观测, 而模型拟合是由 Y 和 $\boldsymbol{X}$ 联合分布的考虑所驱动的. 具体来说, ACE 的想法是对 $k=1,\cdots,p$ 估计 g 和 s_k, 使得 $g(Y)$ 和 $\sum\limits_{k=1}^{p}s_k(x_k)$ 之间相关性的强度在限制 $\mathrm{var}\{g(Y)\}=1$ 下达到最大. 常数 α 不影响该相关, 故可忽略.

拟合 ACE 模型需要使用下面的迭代算法.

(1) 初始化算法, 令 $t=0$ 且 $\hat{g}^{(0)}(Y_i)=(Y_i-\bar{Y})/\hat{\sigma}_Y$, 其中 $\hat{\sigma}_Y$ 为 Y_i 值的样本标准差.

(2) 用 $\hat{g}^{(t)}(Y_i)$ 值作为响应且 $\hat{s}_k^{(t+1)}(X_{ik})$ 值作为预测变量对可加模型进行拟合, 生成可加预测函数 $\hat{s}_k^{(t+1)}$ 的更新估计, $k=1,\cdots,p$. 12.1.1 节中的后退拟合算法可用来拟合该模型.

(3) 通过在 Y_i(看作预测变量) 上光滑 $\sum\limits_{k=1}^{p}\hat{s}_k^{(t+1)}(X_{ik})$(看作响应) 的值来估计 $\hat{g}^{(t+1)}$.

(4) 通过除以 $\hat{g}^{(t+1)}(Y_i)$ 值的样本标准差对 $\hat{g}^{(t+1)}$ 重新调整刻度. 该步是必要的, 因为否则不管数据怎么样, 很平凡地, 令 $\hat{g}^{(t+1)}$ 和 $\sum\limits_{k=1}^{p}\hat{s}_k^{(t+1)}$ 都为零函数就得到零残差.

(5) 根据某相对收敛准则, 如果 $\sum\limits_{i=1}^{n}\left[\hat{g}^{(t+1)}(Y_i)-\sum\limits_{k=1}^{p}\hat{s}_k^{(t+1)}(X_{ik})\right]^2$ 已经收敛了, 则停止迭代. 否则, 增加 t 并转入第 2 步.

最大化 $\sum\limits_{i=1}^{p}s_k(X_k)$ 和 $g(Y)$ 之间的相关性等价于在 $\mathrm{var}\{g(Y)\}=1$ 的限制条件

下关于 g 和 $\{s_k\}$ 最小化 $\mathrm{E}\{[g(Y)-\sum_{k=1}^{p}s_k(X_k)]^2\}$. 对 $p=1$, 该目标关于 X 和 Y 是对称的: 如果这两个变量是可交换的, 那么结果是同一个常数.

ACE 没有给出直接建立 $\mathrm{E}\{Y|\boldsymbol{X}\}$ 和预测变量之间联系的拟合模型成分, 这影响了模型的预测. 因此 ACE 与我们讨论过的其他预测–响应光滑有很大的不同, 因为它放弃估计回归函数的想法, 而是给出了相关分析. 因此, ACE 可以得到令人意外的结果, 尤其是当变量之间相关性较弱时. 关于这种问题以及拟合算法的收敛性质的讨论, 请参考文献 [58,74,280].

4. **可加性及方差平稳化**

依赖于响应变换的另一种不同的可加模型是**可加性及方差平稳化** (AVAS) [535]. 模型与 (12.16) 式完全一样, 只是 g 限制为严格单调且对某常数 C 有

$$\operatorname{var}\left\{g(Y)\middle|\sum_{k=1}^{p}s_k(x_k)\right\}=C \tag{12.17}$$

拟合该模型需要使用下面的迭代算法.

(1) 初始化算法: 令 $t=0$ 且 $\hat{g}^{(0)}(Y_i)=(Y_i-\bar{Y})/\hat{\sigma}_Y$, 其中 $\hat{\sigma}_Y$ 为 Y_i 值的样本标准差.

(2) 初始化预测函数: 对 $\hat{g}^{(0)}(Y_i)$ 与预测数据拟合可加模型, 得到 $\hat{s}_k^{(0)}$, $k=1,\cdots,p$, 这与 ACE 做法一样.

(3) 记当前的均值函数为 $\hat{\mu}(t)=\sum_{k=1}^{p}\hat{s}_k^{(t)}(X_k)$. 要估计方差平稳变换, 首先必须估计给定 $\hat{\mu}^{(t)}=u$ 时 $\hat{g}^{(t)}(Y)$ 的条件方差函数. 该函数 $\hat{V}^{(t)}(u)$ 通过将当前的对数平方残差对 u 进行光滑并将结果取指数进行估计.

(4) 给定 $\hat{V}^{(t)}(u)$, 计算相应的方差平稳变换 $\psi^{(t)}(z)=\int_0^z\hat{V}^{(t)}(u)^{-1/2}\mathrm{d}u$. 该积分可通过第 5 章的数值方法去实现.

(5) 更新并标准化响应变换: 定义 $\hat{g}^{(t+1)}(y)=[\psi^{(t)}(\hat{g}^{(t)}(y))-\bar{\psi}^{(t)}]/\hat{\sigma}_{\psi^{(t)}}$, 其中 $\bar{\psi}^{(t)}$ 和 $\hat{\sigma}_{\psi^{(t)}}$ 分别表示 $\psi^{(t)}(\hat{g}^{(t)}(Y_i))$ 值的样本均值和样本标准差.

(6) 更新预测函数: 对 $\hat{g}^{(t+1)}(Y_i)$ 与预测数据拟合可加模型, 得到 $\hat{s}_k^{(t+1)}$, $k=1,\cdots,p$, 这与 ACE 做法一样.

(7) 根据某相对收敛准则, 如果 $\sum_{i=1}^{n}\left[\hat{g}^{(t+1)}(Y_i)-\sum_{k=1}^{p}\hat{s}_k^{(t+1)}(X_{ik})\right]^2$ 已经收敛了, 则停止迭代, 否则, 增加 t 并转入第 3 步.

与 ACE 不同, AVAS 程序非常适合预测–响应回归问题. 关于该方法详细的细节请参考 [280,535].

ACE 和 AVAS 都可对标准的多元回归建模提出参数变换. 特别地, 通过将 ACE 或 AVAS 变换后的预测对未变换的预测作图有时可对标准回归建模给出简单的逐

段线性或其他变换 [136,290].

12.1.4 树型方法

树型方法根据与响应变量相似程度把预测变量空间迭代地划分成几个子区域. 这种方法一种重要的吸引力在于往往很容易描述和解释节点. 基于马上要讨论的原因, 这些节点加在一起称作*树*.

统计学家最熟悉的树型方法是 Breiman, Friedman, Friedman, Olshen and Stone [59] 中描述的分类与回归树 (CART) 方法. 执行树型建模的所有权软件和开放源码软件是容易得到的 [96,199,516,533,545]. 尽管执行细节不同, 但所有这些方法基本上都是基于迭代分类这一想法的.

可以用下面两种信息的集合对树进行总结:

- 一系列二元 (是–否) 问题的答案, 其中每个问题是根据单一的预测变量值设计的;
- 一组基于这些问题的答案对响应变量进行预测的值.

一个例子将会使树的本质更加清楚.

例 12.4 (河流监控) 在称为地层的河床上生存着各种大型无脊椎动物的生物体. 为监控河流健康, 生态学家使用生物完整性指数 (IBI) 这一度量对河流维持自然生物群落的能力进行量化. IBI 考虑对人为或其他潜在的应激源对河流的影响进行有意义的测量 [319]. 在这个例子中, 我们考虑从人口密度和地层的岩块尺寸这两个预测变量对大型无脊椎动物的 IBI 进行预测. 第一个预测变量是河流流域内的人口密度 (每平方公里的人数). 为完善图形的表示, 下面分析中使用的是人口密度的对数, 但选择的树与对预测变量不做变换时的树完全一样. 第二个预测变量是在地层抽样位置搜集的岩块直径的几何平均, 其中数据以毫米为单位进行测量并取对数变换. 这些数据, 在问题 12.5 中还会进一步考虑, 是由环境保护局从 1993 年到 1998 年在美国东部的中大西洋高地区域 353 个位置研究的一部分中搜集得到的 [161].

图 12.7 显示了一棵典型的树. 4 个二元问题用树中的剖分表示. 每个剖分都是根据一个预测变量的值进行的. 当答案为 "是", 即标识该剖分的条件满足时取剖分的左支. 例如, 顶部的剖分表示树的左部分是那些岩块尺寸不大于 0.4(沙粒或更小) 的那些观测. 树中剖分的每个位置称作*父节点*. 最顶部的父节点也称作*根节点*. 除根节点外的所有父节点都是*内节点*. 根据在父节点所做的决定, 数据在树的底部被分成 5 个*终端节点*. 和每个终端节点联系在一起的是该节点内所有观测的 IBI 的均值. 我们将用该值作为预测变量进入该节点的任何观测的预测值. 例如, 对分到 $\mathcal{N}_1$ 中的任何观测我们预测 IBI $= 20$. □

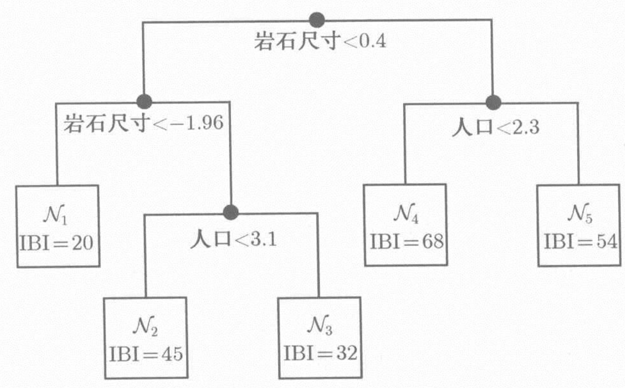


图 12.7　例 12.4 中预测 IBI 的树拟合. 根节点是树的顶部节点, 父节点是用 • 符号表示的其他节点, 而终端节点是 $\mathcal{N}_1, \cdots, \mathcal{N}_5$. 当所示准则为真时沿父节点的左支走, 为假时沿右支走

1. **迭代分类回归树**

一开始假设响应变量是连续的. 那么树型光滑一般称为**迭代分类回归**. 12.1.4 节第 3 部分将讨论分类响应的预测.

考虑预测–响应数据, 其中 $\boldsymbol{x}_i$ 是与响应 Y_i 相应的 p 个预测变量的向量, $i = 1, \cdots, n$. 为简单起见, 假设 p 个预测变量都是连续的. 令 q 表示要拟合的树中终端节点的个数.

树型预测是逐条常数的. 如果第 i 个观测的预测变量值落入第 j 个终端节点, 那么第 i 个预测的响应等于常数 $\hat{a}_j$. 因此树型光滑为

$$\hat{s}(\boldsymbol{x}_i) = \sum_{j=1}^{q} \hat{a}_j 1_{\{\boldsymbol{x}_i \in \mathcal{N}_j\}}. \tag{12.18}$$

该模型用一种划分过程去拟合, 且该过程自适应地把预测变量空间分成超矩形, 每个超矩形对应一个终端节点. 一旦划分完成, 就令 $\hat{a}_j$ 等于落入第 j 个终端节点观测的平均响应值.

注意到这一框架意味着只要 n 和 (或)p 不是一般地小就存在大量可能的树. 任何终端节点可以剖分以形成更大的树. 任何一个父节点的两个分支可以合并使父节点变成终端节点, 形成原树的一个*子树*. 任何分支本身可用一个基于不同预测变量和 (或) 不同准则的分支来替换. 下面描述拟合一棵树使用的划分过程.

最简单的情况下, 假设 $q = 2$. 然后我们试图用一个平行轴边界把 $\Re^p$ 分成两个超矩形. 选择可通过剖分坐标 $c \in \{1, \cdots, p\}$ 和一个剖分点或阈值 $t \in \Re$ 来刻画. 那么两个终端节点是 $\mathcal{N}_1 = \{\boldsymbol{x}_i : x_{ic} < t\}$ 和 $\mathcal{N}_2 = \{\boldsymbol{x}_i : x_{ic} \geqslant t\}$. 用 $\mathcal{S}_1$ 和 $\mathcal{S}_2$ 分别

表示落入两个节点内观测的指标集. 用节点指定的样本平均得到拟合

$$\hat{s}(\boldsymbol{x}_i) = 1_{\{i\in\mathcal{S}_1\}} \sum_{j\in\mathcal{S}_1} Y_j/n_1 + 1_{\{i\in\mathcal{S}_2\}} \sum_{j\in\mathcal{S}_2} Y_j/n_2, \tag{12.19}$$

其中 n_j 是落入第 j 个终端节点的观测数.

对连续的预测变量和排序的离散预测变量, 可按照这种方式直接定义剖分. 对未排序分类变量的处理有所不同. 假设这种变量的每个观测可以取几个类别中的一个. 所有这种类别的集合肯定可分成两个子集. 幸运的是, 我们可以不必考虑所有可能的分法. 首先, 按每类中平均响应的顺序对各类进行排序. 然后, 把这些排序的类别看成是排序的离散预测变量的观测. 这一策略允许最优的剖分 [59]. 也有些自然的方法处理具有某些缺失预测变量值的观测. 最后, 选择预测变量的变换通常不是问题: 树型模型对预测变量的单调变换是不变的, 因为在多数软件包中, 剖分点是由预测变量的秩决定的.

要找到 $q = 2$ 个终端节点的最好的树, 我们试图关于 c 和 t 最小化残差平方和

$$\mathrm{RSS}(c, t) = \sum_{j=1}^{q} \sum_{i\in\mathcal{S}_j} (Y_i - \hat{a}_j)^2, \tag{12.20}$$

其中 $\hat{a}_j = \sum_{i\in\mathcal{S}_j} Y_i/n_j$. 注意到 $\mathcal{S}_j$ 是用 c 和 t 的值定义的且只有当集合 $\mathcal{S}_j$ 中的成员发生变化时 $\mathrm{RSS}(c, t)$ 才改变. 因此最小化 (12.20) 是一个组合优化问题. 对每个坐标, 我们至多需要试 $n-1$ 个剖分, 而且如果坐标的预测变量值中有结的话次数会更少. 因此最多搜索 $p(n-1)$ 次树就可找到最小的 $\mathrm{RSS}(c, t)$. 当 $q = 2$ 时寻找最优树的穷尽搜索是可行的.

现在假设 $q = 3$. 第一个剖分坐标和剖分点把 $\Re^p$ 分成两个超矩形. 然后再用第二个剖分坐标和剖分点将其中一个超矩形分成两个部分, 这个剖分坐标和剖分点仅在这个超矩形内适用. 结果就得到三个终端节点. 对第一次剖分至多需做 $p(n-1)$ 次选择. 对任何不同于第一次剖分使用的坐标进行第二次剖分时, 对每个选择的第一次可能剖分至多存在 $p(n-1)$ 次选择. 对第一次剖分使用的同一个坐标进行第二次剖分时, 至多存在 $p(n-2)$ 次选择. 对较大的 q 继续进行这种逻辑, 我们发现大约有 $(n-1)(n-2)\cdots(n-q+1)p^{q-1}$ 棵树需要搜索. 这一庞大的数字使得穷尽搜索无法进行.

取而代之, 我们采用贪婪搜索算法 (见 3.2 节). 序贯地对待每一个剖分. 选择最好的一个剖分来剖分根节点. 对每个孩子节点, 分别选择剖分将其最优地剖开. 注意, 这样得到的 q 个终端节点常常不会在所有有 q 个终端节点的可能树中有最小的残差平方误差.

例 12.5 (河流监控, 续) 为理解树中的终端节点如何相当于预测空间中的超矩形, 我们回忆例 12.4 中介绍的河流监控数据. 图 12.7 中树的另外一种表示见图 12.8. 该图显示了由岩块尺寸和人口密度变量的取值决定的预测空间的划分. 每个圈以观测 $\boldsymbol{x}_i$ 为中心 $(i=1,\cdots,n)$. 每个圈的面积反映了对那个观测的 IBI 值的强度, 较大的圈对应于较大的 IBI 值. 图中标为 $\mathcal{N}_1,\cdots,\mathcal{N}_5$ 的矩形区域相当于图 12.7 中的终端节点. 第一个剖分 (关于阈值为 $t=0.4$ 的岩块尺寸坐标) 在图的中间用竖线表示. 接下来的剖分仅仅划分部分的预测空间. 例如, 与岩块尺寸超过 0.4 相应的区域接下来根据人口密度变量的值被分成两个节点, $\mathcal{N}_4$ 和 $\mathcal{N}_5$. 注意到序贯的剖分有如下缺点: 数据基于人口密度是否超过大约 2.5 的明显的自然划分用两个有点儿搭配不当的剖分来表示, 因为前面的剖分在岩块尺寸变量的 0.4 处出现. 12.1.4 节第 4 部分将进一步讨论树结构的不确定性.

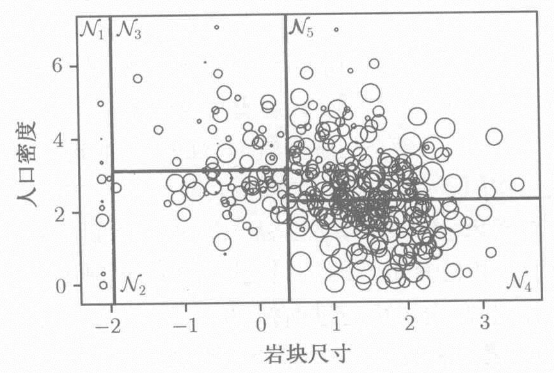


图 12.8 例 12.4 和例 12.5 中讨论的预测 IBI 时的预测空间 (岩块尺寸和人口密度变量) 的划分

拟合树的逐段常数模型见图 12.9, 其中 IBI 为纵轴. 为最好地展示曲面, 各轴与图 12.8 相比已经做了旋转. □

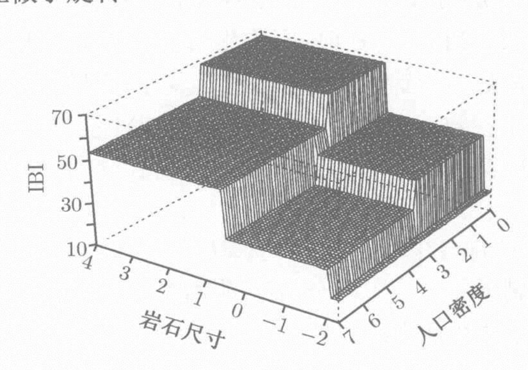


图 12.9 如例 12.5 中讨论的对 IBI 的逐段常数的树模型进行预测

2. 树的修剪

给定 q, 贪婪搜索可用来拟合树模型. 注意到 q 本质上是光滑参数. 大 q 值对观测数据保留了高的忠实度, 但得到的树在预测方面有较高的潜在变异性. 这种精细的模型可能要牺牲解释性. 小 q 值因为只有少数几个终端节点而有小的预测变异性, 但如果响应和每个终端节点不一致时可能引入预测偏差. 现在我们讨论如何选择 q.

选择 q 的一种幼稚的方法是, 继续剖分终端节点直到再没有剖分可使总的残差平方和大大减少为止. 该方法可能错过数据中重要的结构, 因为即使当前的剖分没什么改进, 后续的剖分也可能很有价值. 例如, 考虑由 X_1 和 X_2 为 $[-1,1]$ 上均匀分布的独立预测变量且 $Y = X_1X_2$ 得到的鞍型响应曲面. 对任何一个预测变量的单独剖分它都没有太大用处, 但任何的第一个剖分都使接下来的两个剖分将残差平方和大大地减少.

选择 q 更加有效的方法是从长树开始, 把每个终端节点进行剖分, 直到每个包含的观测数都不多于某预先给定的最小数或其残差平方误差不超过根节点平方误差的某预先给定的百分比. 在该全树中终端节点的个数可能大大超过 q. 接下来, 终端节点再从底部往上按照不使残差平方和大大增加的方式序贯地进行合并. 这种方法的一种实现称作**成本–复杂性修剪算法**[59,457]. 最后的树是全树的一棵子树, 是根据预测误差的惩罚和树复杂性的惩罚之间平衡的准则进行选择的结果.

令 T_0 表示全树, 且 T 表示可通过剪掉 T_0 某些父节点以下所有东西所得到的 T_0 的某子树. 令 $q(T)$ 表示树 T 中终端节点的个数. 成本–复杂性准则为

$$R_\alpha(T) = r(T) + \alpha q(T), \tag{12.21}$$

其中 $r(T)$ 为树 T 的残差平方和或预测误差的某个其他度量, α 为用户提供的惩罚树复杂性的参数. 对给定的 α, 最优树是最小化 $R_\alpha(T)$ 的 T_0 的子树. 当 $\alpha = 0$ 时, 全树 T_0 将选为最优的. 当 $\alpha = \infty$ 时, 只有根节点的树将选为最优的. 如果 T_0 有 $q(T_0)$ 个终端节点, 那么通过选择不同的 α 值至多可得到 $q(T_0)$ 棵子树.

选择 (12.21) 式中参数 α 值的最好方法是交叉验证. 将数据集分成 V 个大小相同各自分开的部分, 其中 V 一般在 3~10 之间取值. 对 α 值的有限序列, 算法如下进行:

(1) 去掉数据集 V 部分中的一个, 该子集称作验证集;

(2) 用数据集中剩下的 $V-1$ 部分对序列中的每个 α 值寻找最优的子树;

(3) 对每个最优子树预测训练集的响应, 并根据这些训练集预测计算交叉验证的误差平方和.

对数据的 V 个部分都重复该过程. 对每个 α, 计算所有 V 部分数据总的交叉验证

平方和. 选择最小化交叉验证平方和的 α 值, 记为 $\hat{\alpha}$. 估计复杂性参数的最优值之后, 现在我们可对所有数据将全树修剪到由 $\hat{\alpha}$ 决定的子树.

对一系列 α 值寻找最优树的有效算法 (见上面第 2 步) 是可得的 [59,457]. 实际上, 对应 α 序列值的一组最优树是嵌套的, 较小的树对应较大的 α 值, 而且通过从底部往上将终端节点序贯地进行重组可访问到序列中所有的成员. 对该交叉验证策略提出了各种扩展, 包括上面方法的一种变体, 即从几乎达到最小交叉验证平方和的那些树中选择最简单的树 [533].

例 12.6 (河流监控, 续) 让我们回到例 12.4 中河流生态学的例子. 通过进行剖分直到每个终端节点少于 10 个观测或残差平方误差少于根节点残差平方误差的 1% 为止, 可以得到这些数据的全树. 该过程得到具有 53 个终端节点的全树. 图 12.10 显示了作为终端节点个数函数的总的交叉验证残差平方误差. 该图是用 10-折交叉验证 ($V = 10$) 得到的. 可以从底部对全树进行修剪, 把最没用的终端节点重新合并直到达到 $R_\alpha(T)$ 的最小值为止. 注意, α 值和树的大小之间的对应关系意味着: 只需考虑有限个 α 值即可, 因此将 $R_\alpha(T)$ 对 $q(T)$ 作图比对 α 作图更直接. 具有 5 个终端节点的树得到了最小的交叉验证平方和; 实际上, 这就是图 12.7 中所示的树.

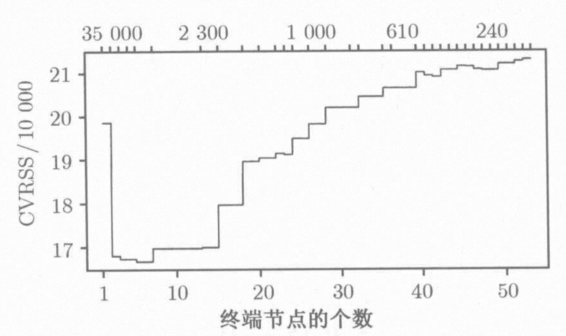


图 12.10 例 12.6 中交叉验证残差平方和对节点大小的图. 顶部的水平线表示成本–复杂性参数 α

在该例中, 最优 α 的选择, 因此也即最终树的选择, 随数据的不同随机划分而不同. 一般最优树有 3~13 个终端节点. 这种不确定性加强了树型模型结构的潜在不稳定性, 尤其是对信号不强的数据集. □

3. 分类树

短暂抛开本章的光滑这一重点内容, 我们有必要在此快速总结一下分类响应变量的树型方法.

用于预测分类响应变量的迭代分类模型一般称为**分类树** [59,457]. 假设每个响应变量 Y_i 取 M 类中的一个. 令 $\hat{p}_{jm}$ 表示终端节点 N_j 中属于 m 类观测的比例

$(m=1,\cdots,M)$. 粗略地说, $\mathcal{N}_j$ 中所有的观测都预测为主要构成该节点的一类. 节点内按多数投票的这种预测可按以下两种方式进行改进. 首先, 可对投票进行加权以反映每类总的优势. 这使预测偏于在数量上占优势的类别. 其次, 可对投票进行加权以反映不同误判类型的不同损失 [533]. 例如, 如果各个类别对应于医疗诊断, 那么假阳性或假阴性诊断可能是重大错误, 而其他的错误可能只产生较轻的后果.

分类树的构造依赖于用类似于迭代分类回归中使用的贪婪策略对预测空间的划分. 对回归树的剖分来说, 通过最小化左右孩子节点内总的残差平方和来选择剖分坐标 c 和剖分点 t. 对分类树来说, 需要不同的误差度量. 残差平方误差替换为节点不纯度这一度量.

有多种方法可度量节点不纯度, 但多数都基于以下原则. 当节点 j 内的观测集中于一类时, 该节点的不纯度应该比较小; 当观测在所有 M 个类上均匀地分布时, 该节点的不纯度应该比较大. 两个常用的不纯度度量为熵, 对节点 j 用 $\sum_{m=1}^{M}\hat{p}_{jm}\log\hat{p}_{jm}$ 给出, 以及**基尼指数**, 用 $\sum_{l\neq m}\hat{p}_{jl}\hat{p}_{jm}$ 给出. 这些方法比简单地计算误判数更有效, 因为剖分可大大提高节点的纯度, 而不用改变任何分类. 例如, 如果剖分双方的多数选票和不剖分的选票有同样结果, 但在某个子区域中胜利程度远远小于其他区域, 这时就会出现以上的情况.

树的成本–复杂性修剪可按 12.1.4 节第 2 部分描述的策略进行. 熵或基尼指数可用作 (12.21) 式中的成本度量 $r(T)$. 或者, 也可令 $r(T)$ 等于一种 (可能加权的) 误判率来进行修剪.

4. 树型方法的其他问题

树型方法比其他更加传统的建模方法有更多的优点. 首先, 树型模型可以拟合预测变量间的交互效应及其他不可加行为, 而不要求用户明确指定交互效应的形式. 其次, 无论是在拟合模型还是在作预测, 使用带有某些缺失预测变量值的数据时更加自然. 某些策略在文献 [58,457] 中进行了研究.

缺点之一是树可能不稳定. 因此必须注意不要过度解释某些特殊的剖分. 例如, 如果图 12.8 的 $\mathcal{N}_1$ 中最小的两个 IBI 值再增加些, 那么当用修改后的数据构造新树时该节点将被删除. 新数据常常会选择明显不同的剖分, 即使预测相对保持不变. 例如, 从图 12.8 容易推测, 数据稍有不同就可能导致根节点按人口密度在 2.5 的剖分点进行剖分, 而不是按岩块大小在 0.4 进行剖分. 修剪之前把全树建成不同大小可以使得修剪后选择不同的最优树, 在这方面树也可能不稳定.

另外一个问题是不确定性的评价有点挑战性. 没有一种简单的方式来对树结构本身总结出一个置信区域. 树预测的置信区间可用 bootstrap 得到 (第 9 章).

树型方法在计算机科学中非常流行, 尤其是分类 [440,457]. 同时, 也提出了

Bayes 的树型方法 [94,131]. 树型方法的医学应用也尤为普遍, 这也许是因为作为疾病诊断的工具, 二元决策树解释和应用起来都非常简单 [59,95].

12.2 一般多元数据

最后, 我们考虑几乎位于低维流形 (如曲线或曲面) 上的高维数据. 对这种数据, 可能没有预测变量和响应变量这种明显概念上的区别. 然而, 我们可能对估计变量之间的光滑关系比较感兴趣. 本节中, 我们给出一种光滑多元数据的方法, 称为主曲线. 其他研究变量之间关系的方法, 如关联规则和聚类分析, 参见 [281].

主曲线

*主曲线*是一类专门对一般 p 维多元数据集进行的一维非参汇总. 不太严谨地说, 主曲线上的每个点都是投影到曲线上该点的所有数据的平均. 11.6 节已开始促使我们研究主曲线. 图 11.18 中的数据不适合用预测–响应光滑, 然而使光滑的概念适合于一般多元数据可得到如图 11.18 右边面板所示的非常好的拟合. 现在我们更具体地描述主曲线的概念及其估计 [279]. 相关软件包括 [277,323,546].

1. *定义和动机*

一般的多元数据可能位于 $\Re_p$ 中迂回连续的一维曲线附近. 这就是我们要估计的曲线. 下面我们采用曲线的时间–速度参数化来适应最一般的情形.

我们可把 $\Re_p$ 中的一维曲线记为 $\boldsymbol{f}(\tau) = (f_1(\tau), \cdots, f_p(\tau))$, 其中 τ 位于 τ_0 和 τ_1 之间. 这里 τ 可用来表示 p 维空间中沿一维曲线的距离. 曲线 $\boldsymbol{f}$ 的弧长为 $\displaystyle\int_{\tau_0}^{\tau_1} \| \boldsymbol{f}'(\tau) \| \,\mathrm{d}\tau$, 其中

$$\| \boldsymbol{f}'(\tau) \| = \sqrt{\left(\frac{\mathrm{d}f_1(\tau)}{\mathrm{d}\tau}\right)^2 + \cdots + \left(\frac{\mathrm{d}f_p(\tau)}{\mathrm{d}\tau}\right)^2}.$$

如果对所有 $\tau \in [\tau_0, \tau_1]$ 有 $\| \boldsymbol{f}'(\tau) \| = 1$, 那么沿曲线任何两点 τ_a 和 τ_b 之间的弧长为 $|\tau_a - \tau_b|$. 此时称 $\boldsymbol{f}$ 有*单位–速度参数化*. 设想一只小虫沿曲线以速度 1 向前走, 或以速度 -1 向后走 (向前或向后的指定是任意的), 这样设想常常是很有帮助的. 如此小虫在两点之间走动所花费的时间量就相当于弧长, 正负号相当于所取的方向. 对所有 τ, 满足 $\| \boldsymbol{f}'(\tau) \| > 0$ 的任何光滑曲线都可重参数化到单位速度. 如果单位–速度曲线的坐标函数是光滑的, 那么 $\boldsymbol{f}$ 本身也是光滑的.

我们感兴趣的要估计的曲线类型是光滑没有交叉且波动不太大的曲线. 具体来说, 我们假设 $\boldsymbol{f}$ 是 $\Re^p$ 中光滑的单位–速度曲线, 其参数化到闭区间 $[\tau_0, \tau_1]$ 上使得对所有的 r, 当 $t \in [\tau_0, \tau_1]$ 且 $r \neq t$ 时, 有 $\boldsymbol{f}(t) \neq \boldsymbol{f}(r)$, 而且假设 $\boldsymbol{f}$ 在 $\Re^p$ 的任何闭球内有有限长度.

任给点 $\boldsymbol{x} \in \Re^p$, 定义投影指标函数 $\tau_{\boldsymbol{f}}(\boldsymbol{x}) : \Re^p \to \Re^1$ 为

$$\tau_{\boldsymbol{f}}(\boldsymbol{x}) = \sup_{\tau} \left\{ \tau : \|\boldsymbol{x} - \boldsymbol{f}(\tau)\| = \inf_{r} \|\boldsymbol{x} - \boldsymbol{f}(r)\| \right\}. \tag{12.22}$$

因此 $\tau_{\boldsymbol{f}}(\boldsymbol{x})$ 为最接近 $\boldsymbol{x}$ 的 $\boldsymbol{f}(\tau)$ 中 τ 的最大值. 具有类似投影指标的点正交地投影到曲线 $\boldsymbol{f}$ 的一小部分上. 以后投影指标将用来定义邻域.

假设 $\boldsymbol{X}$ 为 $\Re^p$ 中某个具有有限二阶矩的随机向量. 与前面各节不同, 我们不区分预测变量和响应变量.

我们定义 $\boldsymbol{f}$ 为*主曲线*, 如果对所有 $\tau^* \in [\tau_0, \tau_1]$ 有 $\boldsymbol{f}(\tau^*) = \mathrm{E}\left\{\boldsymbol{X} | \tau_{\boldsymbol{f}}(\boldsymbol{X}) = \tau^*\right\}$. 这一要求有时称作*自我一致性*. 图 12.11 解释了这一想法, 即在某 τ 正交于曲线的点的分布的均值一定等于该点曲线本身的值. 左边面板中, 在 τ^* 处沿正交于 $\boldsymbol{f}$ 的轴描出了一个分布. 该分布的均值为 $\boldsymbol{f}(\tau^*)$. 注意到对椭球分布, 主成分直线就是主曲线. 主成分可参见 [402].

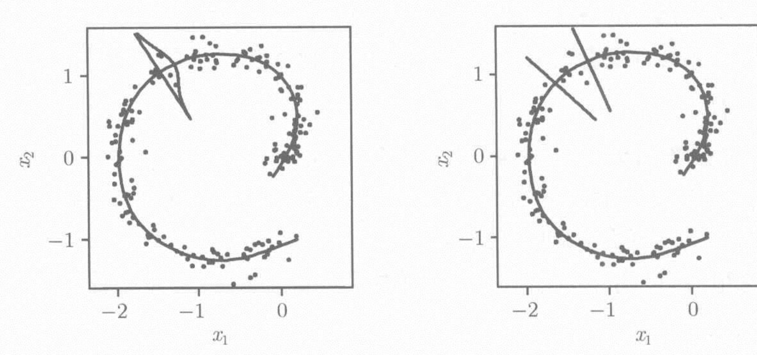


图 12.11 解释主曲线定义及其估计的两个面板. 左边面板中, 曲线 $\boldsymbol{f}$ 在某 τ^* 处与正交于 $\boldsymbol{f}$ 的轴相交. 该轴上描出了条件密度曲线; 如果 $\boldsymbol{f}$ 是主曲线, 那么该条件密度的均值一定等于 $\boldsymbol{f}(\tau^*)$. 右边面板中画出了 τ^* 附近的一个邻域. 边界内所有点都投影到 τ^* 附近的 $\boldsymbol{f}$ 上. 这些点的样本均值应该是左边面板中真实条件密度均值的一个很好的近似

主曲线受局部平均概念的启发: 主曲线和邻域内各点的平均有关. 对预测–响应光滑来说, 沿预测变量坐标轴定义邻域. 对主曲线来说, 沿曲线本身定义邻域. 投影在曲线附近的点属于同一邻域. 图 12.11 右边的面板解释了沿曲线局部邻域的概念.

2. 估计

用迭代算法可从一组 p 维样本数据 $\boldsymbol{X}_1, \cdots, \boldsymbol{X}_n$ 来估计主曲线. 算法在 $t=0$ 选择一条简单初始曲线 $\hat{\boldsymbol{f}}^{(0)}(\tau)$, 并根据 (12.22) 令 $\tau^{(0)}(\boldsymbol{X}) = \tau_{\hat{\boldsymbol{f}}^{(0)}}(\boldsymbol{x})$ 进行初始化.

一种合理的选择是令 $\hat{\boldsymbol{f}}^{(0)}(\tau)=\bar{\boldsymbol{X}}+\boldsymbol{a}\tau$, 其中 $\boldsymbol{a}$ 是从数据中估计的第一个线性主成分. 算法如下进行.

(1) 光滑数据的第 k 个坐标. 具体来说, 对 $k=1,\cdots,p$, 用具有跨度 $h^{(t)}$ 的标准二元预测–响应光滑将 X_{ik} 对 $\tau^{(t)}(\boldsymbol{X}_i)$ 进行光滑. 点 $\boldsymbol{X}_i$ 到 $\hat{\boldsymbol{f}}^{(t)}$ 的投影得到的预测变量为 $\tau^{(t)}(\boldsymbol{X}_i)$, $i=1,\cdots,n$. 响应为 X_{ik}. 结果是 $\hat{\boldsymbol{f}}^{(t+1)}$, 它可作为 $\mathrm{E}\{\boldsymbol{X}|\tau^{(t)}(\boldsymbol{x})\}$ 的估计. 这实现了对几乎投影到主曲线同一点的所有点进行局部平均的散点光滑策略.

(2) 在 $\hat{\boldsymbol{f}}^{(t+1)}(\boldsymbol{X}_i)$ $(i=1,\cdots,n)$ 之间进行内插, 并计算 $\tau_{\hat{\boldsymbol{f}}^{(t+1)}}(\boldsymbol{X}_i)$ 作为与 $\hat{\boldsymbol{f}}^{(t+1)}$ 间的距离. 注意, 某些 $\boldsymbol{X}_i$ 可能投影到与以前迭代中完全不同的部分.

(3) 令 $\tau^{(t+1)}(\boldsymbol{X})$ 等于变换到单位速度的 $\tau_{\hat{\boldsymbol{f}}^{(t+1)}}(\boldsymbol{X})$. 这等于调节 $\tau_{\hat{\boldsymbol{f}}^{(t+1)}}(\boldsymbol{X}_i)$ 使得每个都等于沿多边形曲线到达的总距离.

(4) 计算 $\hat{\boldsymbol{f}}$ 的收敛性, 如果可能则停止; 否则, 增加 t 并转入第 1 步. 可根据总误差 $\sum_{i=1}^{n}\|\boldsymbol{X}_i-\hat{\boldsymbol{f}}^{(t+1)}(\tau^{(t+1)}(\boldsymbol{X}_i))\|$ 构造一个相对的收敛准则.

算法的结果是逐段线性多项式曲线作为主曲线的估计.

主曲线的概念可推广到多元响应中. 为此, 与上面类似地可定义**主曲面**. 曲面用向量 $\boldsymbol{\tau}$ 进行参数化, 并将数据点投影到曲面上. 任何投影到 $\boldsymbol{\tau}^*$ 附近曲面上的点都控制 $\boldsymbol{\tau}^*$ 处的局部光滑.

例 12.7 (二元数据的主曲线) 图 12.12 解释了拟合主曲线迭代过程的几个步骤. 按照从左上到右下的顺序来看图中的各个面板. 在第 1 个面板中描出了各数据点. 形状像方形字母 C 的实线是 $\hat{\boldsymbol{f}}^{(0)}$. 每个数据点用一条表示其正交投影的线与 $\hat{\boldsymbol{f}}^{(0)}$ 发生联系. 当小虫沿 $\hat{\boldsymbol{f}}^{(0)}(\tau)$ 从右上角走到右下角时, $\tau^{(0)}(\boldsymbol{x})$ 从 0 增加到 7. 第 2 个和第 3 个面板显示了数据每个坐标对投影指标 $\tau^{(0)}(\boldsymbol{x})$ 的图形. 这些逐个坐标的光滑相当于估计算法的第 1 步. 每个面板中使用了光滑样条, 且生成的总的估计 $\hat{\boldsymbol{f}}^{(1)}$ 见第 4 个面板. 第 5 个面板显示了 $\hat{\boldsymbol{f}}^{(2)}$. 第 6 个面板给出收敛后的最终结果. □

3. 跨度选择

主曲线算法在每步迭代中都依赖于跨度 $h^{(t)}$ 的选择. 由于是逐个坐标进行光滑的, 所以在每次迭代时每个坐标可使用不同的跨度, 但实际上在分析之前将数据标准化然后再用共同的 $h^{(t)}$, 这样更合理些.

然而, 从一个迭代到下一个迭代中 $h^{(t)}$ 的选择仍是个问题. 一个明显的解决办法是在每次迭代中通过交叉验证选择 $h^{(t)}$. 奇怪的是, 这种方法并不怎么管用, 因为坐标函数误差项的自相关性产生了普遍的光滑不足. 于是更加合理地, 我们取 $h^{(t)}=h$ 并保持不变, 直到收敛. 这样, 步骤 1 中附加的迭代可用交叉验证选择的跨度来完成.

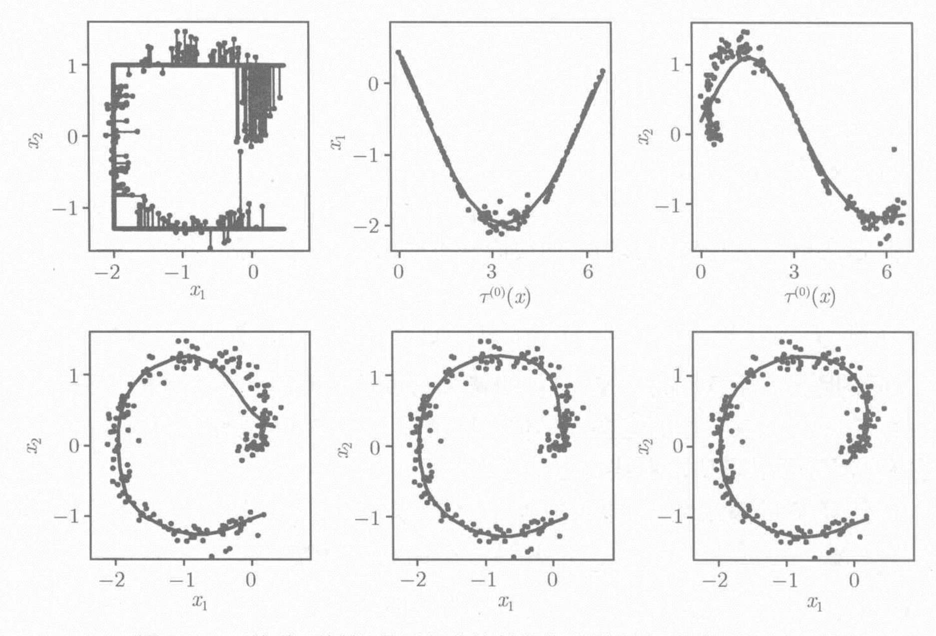


图 12.12 这些面板解释了主曲线迭代拟合的过程. 详见例 12.7

这种跨度选择方法令人担忧, 因为初始的跨度选择显然可以影响算法收敛时曲线的形状. 如果收敛以后再对跨度进行交叉验证, 那么对这类错误纠正 $\hat{f}$ 就为时已晚了. 然而, 该算法对许多例子表现都很好, 而普通光滑技巧将会得到灾难性的后果.

问 题

12.1 对如 (12.5) 式定义的 $\boldsymbol{A}$, 光滑矩阵 $\boldsymbol{S}_k$ 及 n 维向量 $\boldsymbol{\gamma}_k$, $k=1,\cdots,p$, 令 $\boldsymbol{I}_k$ 表示由经过 $\boldsymbol{S}_k$ 而保持不变的向量 (即满足 $\boldsymbol{S}_k\boldsymbol{v}=\boldsymbol{v}$ 的向量) 所张成的空间. 证明 $\boldsymbol{A\gamma}=\boldsymbol{0}$(其中 $\boldsymbol{\gamma}=(\boldsymbol{\gamma}_1\boldsymbol{\gamma}_2\cdots\boldsymbol{\gamma}_p)^{\mathrm{T}}$), 当且仅当对所有 k, $\boldsymbol{\gamma}_k\in\boldsymbol{\mathcal{I}}_k$ 且 $\sum_{k=1}^{p}\boldsymbol{\gamma}_k=\boldsymbol{0}$.

12.2 对体脂的精确测量可能既费钱又耗时. 用标准测量对体脂进行精确预测的模型在多数情况下非常有用. 一项研究打算用 251 位男性的 13 项简单身体测量来预测体脂. 对每个受试者记录了由水下称重法测得的体脂百分比、年龄、体重、身高及 10 项人体周长测量 (表 12.2). 该研究深入的细节见 [289,311]. 这些数据可从本书主页上下载. 本题的目的是应用这些数据比较和对比几种多元光滑方法.

(a) 用自己选择的光滑, 发展后退拟合算法, 并对这些数据按照 12.1.1 节的描述拟合可加模型. 将可加模型的结果与多元回归的结果进行比较.

(b) 用如下 5 种方法对这些数据估计模型 (任何软件都行): (1) 标准的多元线性回归模型 (MLR); (2) 可加模型 (AM); (3) 投影寻踪回归 (PPR); (4) 交替条件期望程序

(ACE); (5) 可加性及方差平稳化方法 (AVAS).

表 12.2　体脂的潜在预测变量. 预测变量 4-13 是以厘米给出的周长测量

1. 年龄 (岁)	8. 大腿
2. 体重 (磅)	9. 膝
3. 身高 (英尺)	10. 踝
4. 颈	11. 伸展的二头肌
5. 胸	12. 前臂
6. 腹部	13. 手腕
7. 臀部	

i. 对 MLR, AM, ACE 及 AVAS, 画出第 k 个估计的坐标光滑对第 k 个预测变量观测值的图, $k=1,\cdots,13$. 换句话说, 像图 12.2 那样对 $i=1,\cdots,251$ 做出 $\hat{s}_k(\boldsymbol{x}_{ik})$ 值对 $\boldsymbol{x}_{ik}$ 的图. 对 PPR, 模仿图 12.6 做出每个成分光滑对投影坐标的图像. 对所有方法在每个图中以合适的方式把观测数据点加进去. 对这些方法间的任何差别做评价.

ii. 进行逐一交叉验证分析, 其中第 i 个交叉验证残差是第 i 个观测响应和从数据集中去掉第 i 个数据点拟合的模型中得到的第 i 个预测响应的差. 用这些结果比较 MLR, AM 和 PPR 在使用类似于 (11.16) 式的交叉验证残差平方和时的预测表现.

12.3 对问题 12.2 中的体脂数据, 比较在形如 (12.3) 式的可加预测模型中使用的至少 3 种不同光滑的表现. 对不同的光滑比较逐一交叉验证均方预测误差. 在可加模型中是否一种光滑优于另一种光滑?

12.4 例 2.5 对检验人类脸谱识别算法中得到的数据描述了广义线性模型. 数据可从本书主页上下载. 响应变量是二元的, 其中如果同一人的两个图像匹配正确则 $Y_i=1$, 否则 $Y_i=0$. 共有 3 个预测变量. 第 1 个是第 i 个人的两个图像中眼区平均像素强度的绝对差别. 第 2 个是两个图像中鼻子脸颊区域平均像素强度的绝对差别. 第 3 个预测变量比较了两个图像像素强度的变异性. 对第 i 个人的每个图像, 在两个区域计算了像素强度的绝对中位差 (一个稳健的散度度量): 前额区域及鼻子脸颊区域. 第 3 个预测变量是图像内的比值在两个图像间的比值. 对这些数据拟合一个广义可加模型. 画出你的结果并给出解释. 将你的结果与普通 logistic 回归模型的拟合进行比较.

12.5 考虑例 12.4 中的大型无脊椎动物的生物完整性指数的一组河流监控预测变量. 这 21 个预测变量, 在本书的主页上有详细描述, 被分成以下 4 组:

现场化学特性度量: 酸中和能力, 氯化物, 电导率, 总氮, pH, 总磷, 硫酸盐

现场栖地度量: 地层直径, 急流区百分比, 中央航道上的树冠疏密度, 河道坡度

现场地理度量: 海拔, 经度, 纬度, 地面坡度

流域度量: 地面流域面积, 人口密度, 农业、矿业、林业和市区用地的百分比

(a) 构造回归树来预测 IBI.

(b) 比较树的几种修剪方法的表现. 比较每种技巧选择的最终树的 10-折交叉验证均方预测误差.

(c) 变量被分成以上 4 组. 依次只用上面的一组变量建立回归树. 对每组预测变量最终选择的树比较 10-折交叉验证均方预测误差.

12.6 讨论第 3 章中的组合优化方法如何用来改进树型方法.

12.7 找一个 $\boldsymbol{X}=\boldsymbol{f}(\tau)+\boldsymbol{\epsilon}$ 的例子, 其中 $\boldsymbol{\epsilon}$ 是零均值的随机向量, 但 $\boldsymbol{f}$ 不是 $\boldsymbol{X}$ 的主曲线.

12.8 本书主页上提供了一些适合拟合主曲线的人造数据. 对一个二元变量有 50 个观测且每个坐标已经标准化. 把这些数据记为 $\boldsymbol{x}_1,\cdots,\boldsymbol{x}_{50}$.

(a) 画出数据的散点图. 令 $\hat{\boldsymbol{f}}^{(0)}$ 表示数据投影的经过原点且斜率为 1 的直线部分. 在图上附上该直线. 模仿图 12.12 中的左上角的面板, 说明数据是如何投影到 $\hat{\boldsymbol{f}}^{(0)}$ 上的.

(b) 对每个数据点 $\boldsymbol{x}_i$ 计算 $\tau^{(0)}(\boldsymbol{x}_i)$. 变换到单位速度. 提示: 说明变换 $\boldsymbol{a}^{\mathrm{T}}\boldsymbol{x}_i$ 为什么管用, 其中 $\boldsymbol{a}=(\sqrt{2}/2,\sqrt{2}/2)^{\mathrm{T}}$.

(c) 对数据的每个坐标, 依次画出那个坐标的数据值 (即 x_{ik} 值, $i=1,\cdots,50$) 对投影指标值 $\tau^{(0)}(\boldsymbol{x}_i)$ 的散点图. 光滑每个图中的点并在每个图上附上所得的光滑. 这很像图 12.12 中的中上和右上的面板.

(d) 在数据的散点图上附上 $\hat{\boldsymbol{f}}^{(1)}$, 正如图 12.12 中左下角的面板那样.

(e) 高级读者可考虑使这些步骤自动运行并进行推广得到迭代算法, 使其收敛到估计的主曲线. S-Plus 中拟合主曲线的一些相关软件见 [277,323,546].

数据致谢

本书例子和练习中使用的数据集可从本书主页 www.colostate.edu/computationalstatistics/ 上下载. 其中很多数据是由各个领域的科研人员搜集的. 其余数据归我们所有或由于某些原因模拟得到. 下面给出数据集所有权的详细情况.

感谢新西兰的 Otago 大学统计系的 Richard Barker, 他为我们提供了 7.4 节使用的小海豹数据并在休假年期间盛情款待了我们.

感谢科罗拉多州立大学计算机科学系的 Ross Beveridge 和 Bruce Draper, 他们提供了例 2.5 中使用的脸谱识别数据并提供机会就这一有趣的项目与其合作.

感谢科罗拉多州立大学鱼类与野生动物生物学系的 Gordon Reese, 他帮助提取了第 8 章使用的犹他州花楸果数据.

感谢俄勒冈州立大学鱼类与野生动物学系的 Alan Herlihy, 他为我们提供例 12.4 中的河流监控数据并帮助解释这些结果. 这些数据及问题 12.5 中使用的数据是由美国环保局通过环境监测与评价程序 (EMAP) 产生的 [161,541].

问题 2.3 中的白血病数据是经授权使用的, 取自于 [177]. 版权所有：美国血液学会, 1963.

问题 2.5 中的溢油数据来源于 [11] 中的数据, 并经 Elsevier 授权使用. 版权所有：Elsevier 2000.

第 5 章使用的老年痴呆症数据是从 [134] 中授权复印的. 版权所有：CRC 出版社, 佛罗里达, 2002.

问题 7.8 中的颜料湿气数据是经 John Wiley 公司授权从 [52] 复印的. 版权所有：John Wiley & Sons, Inc. 1978.

第 9 章使用的铜镍合金数据是经 John Wiley 公司授权从 [147] 复印的. 版权所有：John Wiley & Sons, Inc. 1966.

问题 11.6 中的空气爆炸数据是经 Elsevier 授权从 [299] 复印的. 版权所有：Elsevier 2001.

第 12 章中的挪威纸数据是经 Elsevier 授权从 [9] 复印的. 版权所有：Elsevier 1996.

关于其他来源数据集的致谢在文中第一次使用的地方给出. 我们感谢所有这些作者和研究者.

参 考 文 献

1. E. H. L. Aarts and P. J. M. van Laarhoven. Statistical cooling: a general approach to combinatorial optimization problems. *Philips Journal of Research,* 40: 193–226, 1985.
2. M. Abramowitz and I. A. Stegun, editors. *Handbook of Mathematical Functions,* National Bureau of Standards Applied Mathematics Series, No.55. US Government Printing Office, Washington, DC, 1964.
3. I. S. Abramson. On bandwidth variation in kernel estimates—a square root law. *Annals of Statistics,* 10:1217–1223, 1982.
4. D. Ackley. *A Connectionist Machine for Genetic Hillclimbing.* Kluwer, Boston, 1987.
5. D.H.Ackley. An empirical study of bit vector function optimization. In L. Davis, editor, *Genetic Algorithms and Simulated Annealing.* Morgan Kauffman, Los Altos, CA, 1987.
6. R. P. Agarwal, M. Meehan, and D. O'Regan. *Fixed Point Theory and Applications.* Cambridge University Press, Cambridge, 2001.
7. H. Akaike. Information theory and an extension of the maximum likelihood principle. In B. N. Petrox and F. Caski, editors, *Proceedings of the Second International Symposium on Information Theory.* Akedemia Kiaodo, Budapest, 1973.
8. J. T. Alander. On optimal population size of genetic algorithms. In *Proceedings of CompEuro 92,* pages 65–70. IEEE Computer Society Press, 1992.
9. M. Aldrin. Moderate projection pursuit regression for multivariate response data. *Computational Statistics and Data Analysis,* 21: 501–531, 1996.
10. N. S. Altman. An introduction to kernel and nearest-neighbor nonparametric regression. *The American Statistican,* 46: 175–185, 1992.
11. C. M. Anderson and R. P. Labelle. Update of comparative occurrence rates for offshore oil spills. *Spill Science and Technology Bulletin,* 6:303–321, 2000.
12. J. Antonisse. A new interpretation of schema notation that overturns the binary encoding constraint. In J. D. Schaffer, editor, *Proceedings of the 3rd International Conference on Genetic Algorithms.* Morgan Kaufmann, Los Altos, CA, 1989.
13. L. Armijo. Minimization of functions having Lipschitz-continuous first partial derivatives. *Pacific Journal of Mathematics,* 16:1–3, 1966.
14. K. Arms and P. S. Camp. *Biology.* Saunders College Publishing, Fort Worth, TX, 4th edition, 1995.
15. T. Bäck. *Evolutionary Algorithms in Theory and Practice.* Oxford University Press, New York, 1996.
16. J. E. Baker. Adaptive selection methods for genetic algorithms. In J. J. Grefenstette, editor, *Proceedings of an International Conference on Genetic Algorithms and Their Applications.* Lawrence Erlbaum Associates, Hillsdale, NJ. 1985.

17. J. E. Baker. Reducing bias and inefficiency in the selection algorithm. In J. J. Grefenstette, editor, *Proceedings of the 2nd International Conference on Genetic Algorithms and Their Applications.* Lawrence Erlbaum Associates, Hillsdale, NJ, 1987.

18. S.G. Baker. A simple method for computing the observed information matrix when using the EM algorithm with categorical data. *Journal of Computational and Graphical Statistics,* 1:63–76, 1992.

19. D.L. Banks, R. T. Olszewski, and R. Maxion. Comparing methods for multivariate nonparametric regression. *Communications in Statistics—Simulation and Computation,* 32:541–571, 2003.

20. G. A. Barnard. Discussion of paper by M. S. Bartlett. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B,* 25:294, 1963.

21. O. E. Barndorff-Nielsen and D. R. Cox. *Inference and Asymptotics.* Chapman & Hall, London, 1994.

22. L. E. Baum, T. Petrie, G. soules, and N. Weiss. A maximization technique occurring in the statistical analysis of probabilistic functions of Markov chains. *Annals of Mathematical Statistics,* 41:164–171, 1970.

23. R. Beran. Prepivoting to reduce level error of confidence sets. *Biometrika,* 74: 457–468, 1987.

24. R. Beran. Prepivoting test statistics: A bootstrap view of asymptotic refinements. *Journal of the American Statistical Association,* 83: 687–697, 1988.

25. J. O. Berger. *Statistical Decision Theory: Foundations, Concepts, and Methods.* Springer-Verlag, New York, 1980.

26. J. O. Berger and M.-H. Chen. Predicting retirement patterns: prediction for a multinomial distribution with constrained parameter space. *The Statistician,* 42(4): 427–443, 1993.

27. A. Berlinet and L. Devroye. A comparison of kernel density estimates. *Publications de l'Institute de Statistique de l'Université de Paris,* 38:3–59, 1994.

28. D. Bertsimas and J. Tsitsiklis. Simulated annealing. *Statistical Science,*8:10–15, 1993.

29. J. Besag. Spatial interaction and the statistical analysis of lattice systems (with discussion). *Journal of the Royal Statistical Society, Series B,*36:192–236, 1974.

30. J. Besag. On the statistical analysis of dirty pictures (with discussion). *Journal of the Royal Statistical Society, Series B,* 48:259–302, 1986.

31. J. Besag. Comment on "Representations of knowledge in complex systems" by Grenander and Miller. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B,*56:591–592, 1994.

32. J. Besag and P. Clifford. Generalized Monte Carlo significance tests. *Biometrika,* 76:633–642, 1989.

33. J. Besag and P. Clifford. Sequential Monte Carlo p-values. *Biometrika,* 78:301–304, 1991.

34. J. Besag, P. Green, D. Higdon, and K. Mengersen. Bayesian computation and stochastic systems (with discussion). *Statistical Science*, 10:3–66, 1995.
35. J. Besag and P. J. Green. Spatial statistics and Bayesian computation. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 55(1):25–37, 1993.
36. J. Besag and C. Kooperberg. On conditional and intrinsic autoregressions. *Biometrika*, 82:733–746, 1995.
37. J. Besag, J. York, and A. Mollié. Bayesian image restoration, with two application in spatial statistics (with discussion). *Annals of the Institute of Statistical Mathematics,* 43:1–59, 1991.
38. N. Best, S. Cockings, J.Bennett, J. Wakefield, and P. Elliott. Ecological regression analysis of environmental benzene exposure and childhood leukaemia: sensitivity to data inaccuracies, geographical scale and ecological bias. *Journal of the Royal Statistical Society, Series A,* 164(1): 155–174, 2001.
39. N. G. Best, R. A. Arnold, A. Thomas, L. A. Waller, and E. M. Conlon. Bayesian models for spatially correlated disease and exposure data. In J. O. Berger, J. M. Bernardo, A. P. Dawid, D. V. Lindley, and A. F. M. Smith, editors, *Bayesian Statistics 6*, pages 131–156. Oxford University Press, Oxford, 1999.
40. R. J. H. Beverton and S. J. Holt. *On the Dynamics of Exploited Fish Populations*, volume 19 of *Fisheries Investment Series 2.* UK Ministry of Agriculture and Fisheries, London, 1957.
41. P. J. Bickel and D. A. Freedman. Some asymptotics for the bootstrap. *Annals of Statistics,* 9:1196–1217, 1981.
42. C. Biller. Adaptive Bayesian regression splines in semiparametric generalized linear models. *Journal of Computational and Graphical Statistics,*9(1):122–140, 2000.
43. P. Billingsley. *Probability and Measure.* Wiley, New York, 3rd edition, 1995.
44. C.M. Bishop. *Neural Networks for Pattern Recognition.* Oxford University Press, 1995.
45. C.M. Bishop, editor. *Neural Networks and Machine Learning.* Springer-Verlag, 1998.
46. F. Black and M. Scholes. The pricing of options and corporate liabilities. *Journal of Political Economy*, 81:635–654, 1973.
47. C. L. Blake and C. J. Merz. UCI Repository of Machine Learning Databases, University of California, Irvine, Dept. of Information and Computer Sciences. Available from http://www. ics. uci. edu/~mlearn/MLRepository.html, 1998.
48. L.B.Booker. Improving search in genetic algorithms. In L. Davis, editor, *Genetic Algorithms and Simulated Annealing.* Morgan Kauffman, Los Altos, CA, 1987.
49. D. L. Borchers, S. T. Buckland, and W. Zucchini. *Estimating Animal Abundance.* Springer-Verlag, London, 2002.
50. A. Bowman. An alternative method of cross-validation for the smoothing of density estimates. *Biometrika*, 71: 353–360, 1984.

51. G. E. P. Box and D. R. Cox. An analysis of transformations. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B,* 26:211–246, 1964.
52. G. E. P. Box, W. G. Hunter, and J. S. Hunter. *Statistics for Experimenters.* Wiley, New York, 1978.
53. P. Boyle, M. Broadie, and P. Glasserman. Monte Carlo methods for security pricing. *Journal of Economic Dynamics and Control,* 21:1267–1321, 1997.
54. R. A. Boyles. On the convergence of the EM algorithm. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 45:47–50, 1983.
55. C. J. A. Bradshaw, R. J. Barker, R. G. Harcourt, and L. S. Davis. Estimating survival and capture probability of fur seal pups using multistate mark-recapture models. *Journal of Mammalogy*, 84(1):65–80, 2003.
56. C. J. A. Bradshaw, C. Lalas, and C. M. Thompson. Cluster of colonies in an expanding population of New Zealand fur seals (*Arctocephalus fosteri*). *Journal of Zoology*, 250:41–51, 2000.
57. L. Breiman. Bagging predictors. *Machine Learning*, 24: 123–140, 1996.
58. L. Breiman and J. H. Friedman. Estimating optimal transformations for multiple regression and correlation (with discussion). *Journal of the American Statistical Association*, 80:580–619, 1985.
59. L. Breiman, J. H. Friedman, R. A. Olshen, and C. J. Stone. *Classification and Regression Trees.* Wadsworth, 1984.
60. L. Breiman, W. Meisel, and E. Purcell. Variable kernel estimates of multivariate densities. *Technometrics*, 19: 135–144, 1977.
61. P. Brémaud. *Markov Chains: Gibbs Fields, Monte Carlo Simulation, and Queues.* Springer-Verlag, New York, 1999.
62. K. P. Brent. *Algorithms for Minimization without Derivatives.* Prentice-Hall, Englewood Cliffs, NJ, 1973.
63. N. E. Breslow and D. G. Clayton. Approximate inference in generalized linear mixed models. *Journal of the American Statistical Association*, 88:9–25, 1993.
64. S.P. Brooks. Markov chain Monte Carlo method and its application. *The Statistician*, 47:69–100, 1998.
65. S. P. Brooks and A. Gelman. General methods for monitoring convergene of iterative simulations. *Journal of Computational and Graphical Statistics*, 7:434–455, 1998.
66. S. P. Brooks and P. Giudici. Markov chain Monte Carlo convergence assessment via twoway analysis of variance. *Journal of Computational and Graphical Statistics*, 9(2):266–285, 2000.
67. S.P. Brooks, P. Giudici, and A. Philippe. Nonparametric convergence assessment for MCMC model selection. *Journal of Computational and Graphical Statistics*, 12(1):1–22, 2003.

68. S. P. Brooks, P. Giudici, and G. O. Roberts. Efficient construction of reversible jump Markov chain Monte Carlo proposal distributions. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 65:(1):3–39, 2003.
69. S. P. Brooks and B. J. T. Morgan. Optimization using simulated annealing. *The Statistican*, 44:241-257, 1995.
70. S.P.Brooks and G. O. Roberts. Assessing convergence of Markov chain Monte Carlo algorithms. *Statistics and Computing*, 8:319–335, 1999.
71. C. G. Broyden. Quasi-Newton methods and their application to function minimization. *Mathematics of Computation*, 21: 368–381, 1967.
72. C. G. Broyden. The convergence of a class of double-rank minimization algorithms. *Journal of the Institute of Mathematics and its Applications*,6:76–90, 1970.
73. C. G. Broyden. Quasi-Newton methods. In. W. Murray, editor, *Numerical Methods for Unconstrained Optimization*, pages 87–106. Academic Press, New York, 1972.
74. A. Buja. Remarks on functional canonical variates, alternating least squares methods, and ACE. *Annals of Statistics*, 18:1032–1069, 1989.
75. K.P. Burnham and D. R. Anderson. *Model Selection and Inference: A Practical Information Theoretic Approach.* Springer-Verlag, New York, 2nd edition, 2002.
76. E. Cameron and L. Pauling. Supplemental ascorbate in the supportive treatment of cancer: re-evaluation of prolongation of survival times in terminal human cancer. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*, 75(9):4538–4542, September 1978.
77. R. Cao, A. Cuevas, and W. González-Mantiega. A comparative study of several smoothing methods in density estimation. *Computational Statistics and Data Analysis*, 17:153–176, 1994.
78. O. Cape, C. P. Rober, and T. Ryden. Reversible jump, birth-and-death and more general continuous time Markov chain Monte Carlo sampler. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 65(3):679–700, 2003.
79. B. P. Carlin, A. E. Gelfand, and A. F. M. Smith. Hierarchical Bayesian analysis of changepoint problems. *Applied Statistics*, 41:389–405, 1992.
80. B. P. Carlin and T. A. Louis. *Bayes and Empirical Bayes Methods for Data Analysis.* Chapman & Hall, London, 1996.
81. G. Casella and R. L. Berger. *Statistical Inference.* Brooks/Cole, Pacific Grove, CA, 2nd edition, 2001.
82. G. Gasella and E. I. George. Explaining the Gibbs sampler. *The American Statistican*, 46(3):167–174, 1992.
83. G. Casella, K. L. Mengersen, C. P. Robert, and D. M. Titterington. Perfect samplers for mixtures of distributions. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 64(4):777-790, 2002.

84. G. Casella and C. Robert. Rao-Blackwellization of sampling schemes. *Biometrika*, 83:81–94, 1996.

85. G. Casella and C. P. Robert. Post-processing accept-reject samples: recycling and rescaling. *Journal of Computational and Graphical Statistics*, 7:139–157, 1998.

86. J. M. Chambers and T. J. Hastie, editors. *Statistical Models in S*. Chapman & Hall, New York, 1992.

87. K. S. Chan and J. Ledholter. Monte Carlo EM estimation for time series models involving counts. *Journal of the American Statistical Association*, 90:242–252, 1995.

88. R. N. Chapman. The quantitative analysis of environmental factors. *Ecology*, 9:111–122, 1928.

89. M.-H.Chen and B. W. Schmeiser. Performance of the Gibbs, hit-and-run, and Metropolis samplers. *Journal of Computational and Graphical Statistics*, 2:251–272, 1993.

90. M.-H. Chen and B. W. Schmeiser. General hit-and-run Monte Carlo sampling for evaluating multidimensional integrals. *Operations Research Letters,* 19:161–169, 1996.

91. M.-H. Chen, Q.-M. Shao, and J. G. Ibrahim. *Monte Carlo Methods in Bayesian Computation*. Springer-Verlag, New York, 2000.

92. Y. Chen, P. Diaconis, S. P. Holmes, and J. S. Liu. Sequential Monte Carlo methods for statistical analysis of tables. Working Paper 03-22, Institute of Statistics and Decision Sciences, Duke University, 2004.

93. S. Chib and E. Greenberg. Understanding the Metropolis-Hastings algorithm. *The American Statistican*, 49(4):327–335, 1995.

94. H. A. Chipman, E. I. George, and R. E. McCulloch. Bayesian CART model search (with discussion). *Journal of the American Statistical Association*, 93: 935–960, 1998.

95. A. Ciampi, C. -H. Chang, S. Hogg, and S. McKinney. Recursive partitioning: A verstatile method for exploratory data analysis in biostatistics. In I. B. MacNeil and G. J. Umphrey, editors, *Biostatistics*, pages 23–50. Reidel, Dordrecht, Netherlands, 1987.

96. L. A. Clark and D. Pregiborn. Tree-based models. In J. M. Chambers and T. Hastie, editors, *Statistical Models in S*, pages 377–419. Duxbury, New York, 1991.

97. D. Clarkson. S+BEST (S-plus B-spline Statistical Technologies). Available from http:// www.insightful.com/downloads/libraries/.

98. W. S. Cleveland. Robust locally weighted regression and smoothing scatter plots. *Journal of the American Statistical Association*, 74:829–836, 1979.

99. W. S. Cleveland, E. Grosse, and W. M. Shyu. Local regression models. In J. M. Chambers and T. J. Hastie, editors, *Statistical Models in S*. Chapman & Hall, New York, 1992.

100. W. S. Cleveland and C. Loader. Smoothing by local regression: principles and methods (with discussion). In W. H. Härdle and M. G. Schimek, editors, *Statistical Theory and Computational Aspects of Smoothing*. Springer-Verlag, New York, 1996.

101. M. Clyde. Discussion of "Bayesian model averaging: a tutorial" by Hoeting, Madigan, Raftery and Volinsky. *Statistical Science*, 14(4):382–417, 1999.

102. A. R. Conn, N. I. M. Gould, and P. L. Toint. Convergence of quasi-Newton matrices generated by the symmetric rank one update. *Mathematical Programming*, 50: 177–195, 1991.

103. S. D. Conte and C. de Boor. *Elementary Numerical Analysis: An Algorithmic Approach.* McGraw-Hill, New York, 1980.

104. J. Corander and M. J. Sillanpaa. A unified approach to joint modeling of multiple quantitative and qualitative traits in gene mapping. *Journal of Theoretical Biology*, 218(4):435–446, 2002.

105. J. N. Corcoran and R. L. Tweedie. Perfect sampling from independent Metropolis-Hastings chains. *Journal of Statistical Planning and Inference*, 104(2):297–314, 2002.

106. M. K. Cowles. Efficient model-fitting and model-comparison for high-dimensional Bayesian geostatistical models. *Journal of Statistical Planning and Inference*, 112:221–239, 2003.

107. M. K. Cowles and B. P. Carlin. Markov chain Monte Carlo convergence diagnostics: a comparative review. *Journal of the American Statistical Association*, 91(434):883–904, 1996.

108. M. K. Cowles, G. O. Roberts, and J. S. Rosenthal. Possible biases induced by MCMC convergence diagnostics. *Journal of Statistical Computing and Simulation*, 64(1):87–104, 1999.

109. D. R. Cox and D. V. Hinkley. *Theoretical Statistics.* Chapman & Hall, London, 1974.

110. N. A. C. Cressie. *Statistics for Spatial Data.* Wiley, New York, 1993.

111. V. Cěrny. A thermodynamical approach to the travelling salesman problem: an efficient simulation algorithm. *Journal of Optimization Theory and Application*, 45:41–55, 1985.

112. G. Dahlquist and Å. Björck, translated by N. Anderson. *Numerical Methods.* Prentice-Hall, Englewood Cliffs, NJ, 1974.

113. P. Damien, J. Wakefield, and S. Walker. Gibbs sampling for Bayesian non-conjugate and hierarchical models by using auxiliary variables. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 61:331–344, 1999.

114. G.B.Dantzig. *Linear Programming and Extensions.* Princeton University Press, Princeton, NJ, 1963.

115. W. C. Davidon. Variable metric methods for minimization. AEC Research and Development Report ANL-5990, Argonne National Laboratory,IL, 1959.

116. L. Davis. Applying adaptive algorithms to epistatic domains. In *Proceedings of the 9th Joint Conference on Artificial Intelligence*, pages 162–164. 1985.

117. L. Davis. Job shop scheduling with genetic algorithms. In *Proceedings of the 1st International Conference on Genetic Algorithms and their Applications*, pages 136–140. 1985.

118. L. Davis. Adapting operator probabilities in genetic algorithms. In J. D. Schaffer, editor, *Proceedings of the 3rd International Conference on Genetic Algorithms.* Morgan Kaufmann, San Mateo, CA, 1989.
119. L. Davis, editor. *Handbook of Genetic Algorithms.* Van Nostrand Reinhold, New York, 1991.
120. P. J. Davis and P. Rabinowitz. *Methods of Numerical Integration.* Academic Press, New York, 1984.
121. A. C. Davison, D. Hinkley, and B. J. Worton. Bootstrap likelihoods. *Biometrika*, 79:113–130, 1992.
122. A. C. Davison and D. V. Hinkley. *Bootstrap Methods and their Applications.* Cambridge University Press, Cambridge, 1997.
123. A. C. Davison, D. V. Hinkley, and E. Schechtman. Efficient bootstrap simulation. *Biometrika*, 73:555–566, 1986.
124. C. de Boor. *A Practical Guide to Splines.* Springer-Verlag, New York, 1978.
125. F. R. de Hoog and M. F. Hutchinson. An efficient method for calculating smoothing splines using orthogonal transformations. *Numerische Mathematik*, 50:311–319, 1987.
126. K. A. DeJong. *An Analysis of the Behavior of a Class of Genetic Adaptive Systems.* Ph.D.thesis, University of Michigan, 1975.
127. P. Dellaportas and J. J. Forster. Markov chain Monte Carlo model determination for hierarchical and graphical log-linear models. *Biometrika*, 86(3):615–633, 1999.
128. P. Dellaportas, J. J. Forster, and I. Ntzoufras. On Bayesian model and variable selection using MCMC. *Statistics and Computing*, 12(2):27–36, 2002.
129. B. Delyon, M. Lavielle, and E. Moulines. Convergence of a stochastic approximation version of the EM algorithm. *Annals of Statistics*, 27:94–128, 1999.
130. A. P. Dempster, N. Laird, and D. B. Rubin. Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 39:1–38, 1977.
131. D. G. T. Denison, B. K. Mallick, and A. F. M. Smith. A Bayesian CART algorithm. *Biometrika*, 85:363–377, 1998.
132. J. E. Dennis, Jr., D. M. Gay, and R. E. Welsch. An adaptive nonlinear least-squares algorithm. *ACM Transactions on Mathematical Software*, 7:369–383, 1981.
133. J. E. Dennis, Jr. and R. B. Schnabel. *Numerical Methods for Unconstrained Optimization and Nonlinear Equations.* Prentice-Hall, Englewood Cliffs, NJ, 1983.
134. G. Der and B. S. Everitt. *A Handbook of Statistical Analyses using SAS.* Chapman & Hall/CRC, Boca Raton, FL, 2nd edition, 2002.
135. E. H. Dereksdóttir and K. G. Magnússon. A strike limit algorithm based on adaptive Kalman filtering with application to aboriginal whaling of bowhead whales. *Journal of Cetacean Research and Management*, 5:29–38, 2003.
136. R. D. Deveaux. Finding transformations for regression using the ACE algorithm. *Sociological Methods & Research*, 18(2–3):327–359, 1989.

137. L. Devroye.*Non-uniform Random Variate Generation.* Springer-Verlag, New York, 1986.
138. L. Devroye. *A Course in Density Estimation.* Birkhäuser, Boston, 1987.
139. L. Devroye and L. Györfi. *Nonparametric Density Estimation: The L_1 View.* Wiley, New York, 1985.
140. P. Diaconis and M. Shahshahani. On non-linear functions of linear combinations. *SIAM Journal of Scientific and Statistical Computing*, 5:175–191, 1984.
141. R. Dias and D. Gamerman. A Bayesian approach to hybrid splines non-parametric regression. *Journal of Statistical Computation and Simulation*, 72(4):285–297, 2002.
142. T. J. DiCiccio and B. Efron. Bootstrap confidence intervals (with discussion). *Statistical Science*, 11:189–228, 1996.
143. P. Dierckx. *Curve and Surface Fitting with Splines.* Clarendon Press, New York, 1993.
144. X. K. Dimakos. A guide to exact simulation. *International Statistical Review*, 69(1):27–48, 2001.
145. P. Djuric, Y. Huang, and T. Ghirmai. Perfect sampling: a review and applications to signal processing. *IEEE Transaction on Signal Processing,* 50(2):345–356, 2002.
146. K. A. Dowsland. Simulated annealing. In C. R. Reeves, editor, *Modern Heuristic Techniques for Combinatorial Problems.* Wiley, New York, 1993.
147. N. R. Draper and H. Smith. *Applied Regression Analysis.* Wiley, New York, 1966.
148. R. P. W. Duin. On the choice of smoothing parameter for Parzen estimators of probability density functions. *IEEE Transactions on Computing*, C-25:1175-1179, 1976.
149. R. Durbin, S. Eddy, A. Krogh, and G. Mitchison. *Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids.* Cambridge University Press, Cambridge, 1998.
150. E. S. Edgington. *Randomization Tests.* Marcel Dekker, New York, 3rd edition, 1995.
151. R. G. Edwards and A. D. Sokal. Generalization of the Fortuin-Kasteleyn-Swendsen-Wang representation and Monte Carlo algorithm. *Physical Review D*, 38(6):2009–2012, 1988.
152. B. Efron. Bootstrap methods: another look at the jackknife. *Annals of Statistics*, 7:1–26, 1979.
153. B. Efron. Nonparametric standard errors and confidence intervals (with discussion). *Canadian Journal of Statistics*, 9:139–172, 1981.
154. B. Efron. *The Jackknife, the Bootstrap, and Other Resampling Plans.* Number 38 in CBMS-NSF Regional Conference Series in Applied Mathematics. SIAM, Philadelphia, 1982.
155. B. Efron. Better bootstrap confidence intervals (with discussion). *Journal of the American Statistical Association*, 82:171–200, 1987.
156. B. Efron. Computer-intensive methods in statistical regression. *SIAM Review*, 30:421–449, 1988.

157. B. Efron and G. Gong. A leisurely look at the bootstrap, the jackknife, and cross-validation. *The American Statistican*, 37:36–48, 1983.

158. B. Efron and D. V. Hinkley. Assessing the accuracy of the maximum likelihood estimator: observed versus expected Fisher information. *Biometrika*, 65:457–482, 1978.

159. B. Efron and R. J. Tibshirani. *An Introduction to the Bootstrap.* Chapman & Hall, New York, 1993.

160. R. J. Elliott and P. E. Kopp. *Mathematics of Financial Markets.* Springer-Verlag, New York, 1999.

161. Environmental Monitoring and Assessment Program, Mid-Atlantic Highlands Streams Assessment, EPA-903-R-00-015, US Environmental Protection Agency, National Health and Environmental Effects Research Laboratory, Western Ecology Division, Corvallis, OR, 2000.

162. V. A. Epanechnikov. Non-parametric estimation of a multivariate probability density. *Theory of Probability and its Applications*, 14:153–158, 1969.

163. L. J. Eshelman, R. A. Caruana, and J. D. Schaffer. Biases in the crossover landscape. In J. D. Schaffer, editor, *Proceedings of the 3rd International Conference on Genetic Algorithms.* Morgan Kaufmann, Los Altos, CA, 1989.

164. R. L. Eubank. *Spline Smoothing and Nonparametric Regression.* Marcel Dekker, New York, 1988.

165. M. Evans. Adaptive importance sampling and chaining. *Contemporary Mathematics*, 115 (*Statistical Multiple Integration*): 137–143, 1991.

166. M. Evans and T. Swartz. *Approximating Integrals via Monte Carlo and Deterministic Methods.* Oxford University Press, Oxford, 2000.

167. U. Faigle and W. Kern. Some convergence results for probabilistic tabu search. *ORSA Journal on Computing*, 4:32–37, 1992.

168. J. Fan and I. Gijbels. *Local Polynomial Modelling and Its Application.* Chapman & Hall, New York, 1996.

169. J. A. Fill. An interruptible algorithm for perfect sampling via Markov chains. *The Annals of Applied Probability*, 8(1):131–162, 1998.

170. R. A. Fisher. *Design of Experiments.* Hafner, New York, 1935.

171. G. S. Fishman. *Monte Carlo.* Springer-Verlag, New York, 1996.

172. R. Fletcher. A new approach to variable metric algorithms. *Computer Journal*, 13:317–322, 1970.

173. R. Fletcher. *Practical Methods of Optimization.* Wiley, Chichester, UK, 2nd edition, 1987.

174. R. Fletcher and M. J. D. Powell. A rapidly convergent descent method for minimization. *Computer Journal*, 6:163–168, 1963.

175. D. B. Fogel. *Evolutionary Computation: Toward a New Philosophy of Machine Intelligence.* IEEE Press. Piscataway, NJ, 2nd edition, 2000.

176. B. L. Fox. Simulated annealing: folklore, facts, and directions. In H. Niederreiter and P. J. Shiue, editors, *Monte Carlo and Quasi-Monte-Carlo Methods in Scientific Computing*. Springer-Verlag, New York, 1995.

177. E. J. Freireich, E. Gehan, E. Frei III, L. R. Schroeder, I.J. Wolman, R. Anabari, E. O. Burgert. S. D. Mills, D. Pinkel, O. S. Selawry, J. H. Moon, B. R. Gendel. C. L. Spurr, R. Storrs, F. Haurani, B. Hoogstraten, and S. Lee. The effect of 6-Mercaptopurine on the duraction of steriod-induced remissions in acute leukemia: A model for evaluation fo other potentially useful therapy. *Blood*, 21(6):699–716, June 1963.

178. D. Frenkel and B. Smit. *Understanding Molecular Simulation*. Academic Press, New York, 1996.

179. H. Freund and R. Wolter. Evolution of bit strings II: a simple model of co-evolution. *Complex Systems*, 7:25–42, 1993.

180. J. H. Friedman. A variable span smoother. Technical Report 5, Dept. of Statistics, Stanford University, Palo Alto, CA, 1984.

181. J. H. Friedman. Exploratory projection pursuit. *Journal of the American Statistical Association*, 82:249–266, 1987.

182. J. H. Friedman. Multivariate additive regression splines (with discussion). *Annals of Statistics*, 19(1):1–141, 1991.

183. J. H. Friedman and W. Steutzle. Smoothing of scatterplots. Technical Report ORION-003, Dept. of Statistics, Stanford University, Palo Alto, CA, 1982.

184. J. H. Friedman and W. Stuetzle. Projection pursuit regression. *Journal of the American Statistical Association*, 76:817–823, 1981.

185. J. H. Friedman, W. Stuetzle, and A. Schroeder. Projection pursuit density estimation. *Journal of the American Statistical Association*, 79:599–608, 1984.

186. K. Fukunaga. *Introduction to Statistical Pattern Recognition*. Academic Press, New York, 1972.

187. W. A. Fuller. *Introduction to Statistical Time Series*. Wiley, New York, 1976.

188. G. M. Furnival and R. W. Wilson, Jr. Regressions by leaps and bounds. *Technometrics*, 16:499–511, 1974.

189. M. R. Garey and D. S. Johnson. *Computers and Intractability: A Guide to the Theory of NP-Completeness*. Freeman, San Francisco, 1979.

190. C. Gaspin and T. Schiex. Genetic algorithms for genetic mapping. In. J.-K. Hao, E. Lutton, E. Ronald, M. Schoenauer, and D. Snyers, editors, *Artificial Evolution 1997*, pages 145–156, Springer-Verlag, New York, 1997.

191. A. Gelfand and A. F. M. Smith. Sampling based approaches to calculating marginal densities. *Journal of the American Statistical Association*, 85:398–409, 1990.

192. A. E. Gelfand, J. A. Silander, Jr., S. Wu, A. Latimer, P. O. Lewis, A. G. Rebelo, and M. Holder. Explaining species distribution patterns through hierarachical modeling (with discussuion). *Bayesian Analysis*, 2005, To appear.

193. A. Gelman. Iterative and non-iterative simulation algorithms. *Computing Science and Statistics*, 24:433–438, 1992.
194. A. Gelman, J. B. Carlin, H. S. Stern, and D. B. Rubin. *Bayesian Data Analysis.* Chapman & Hall, London, 2nd edition, 2004.
195. A. Gelman and X.-L. Meng. Simulating normalizing constants: from importance sampling to bridge sampling to path sampling. *Statistical Science*, 13:163–185, 1998.
196. A. Gelman and D. B. Rubin. Inference from iterative simulation using multiple sequences (with discussion). *Statistical Science*, 7:457–511, 1992.
197. S. Geman and D. Geman. Stochastic relaxation. Gibbs distributions, and the Bayesian restoration of images. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, PAMI-6(6):721–741, 1984.
198. J.E.Gentle. *Random Number Generation and Monte Carlo Methods.* Spinger-Verlag, New York, 1998.
199. R. Gentleman and R. Inaka. The Comprehensive R Archive Network. Available from http://lib.stat. cmu. edu/R/CRAN/, 2003.
200. E. I. George and R. E. McCulloch. Variable selection via Gibbs sampling. *Journal of the American Statistical Association*, 88:881–889, 1993.
201. E. I. George and C. P. Robert. Capture-recapture estimation via Gibbs sampling. *Biometrika*, 79(4):677–683, 1992.
202. C. J. Geyer, Burn-in is unneccessary. Available from http://www. stat. umn. edu/~ charlie/mcmc/burn.html.
203. C. J. Geyer. Markov chain Monte Carlo maximum likelihood. In E. Keramigas, editor, *Computing Science and Statistics: The 23rd Symposium on the Interface.* Interface Foundation. Fairfax Station. VA, 1991.
204. C. J. Geyer. Practical Markov chain Monte Carlo (with discussion). *Statistical Science*, 7:473–511, 1992.
205. C. J. Geyer and E. A. Thompson. Constrained Monte Carlo maximum likelihood for dependent data. *Jounral of the Royal Statistical Society, Series B*, 54:657–699, 1992.
206. C. J. Geyer and E. A. Thompson. Annealing Markov chain Monte Carlo with applications to ancestral inference. *Journal of the American Statistical Association*, 90:909–920, 1995.
207. Z. Ghahramani. An introduction to hidden Markov models and Bayesian networks. *International Journal of Pattern Recognition and Artificial Intelligence*, 15:9–42, 2001.
208. W. R. Gilks. Derivative-free adaptive rejection sampling for Gibbs sampling. In J. M. Bernardo, J. O. Berger, A. P. Dawid, and A. F. M. Smith, editors, *Bayesian Statistics 4.* Oxford, 1992. Clarendon.
209. W. R. Gilks. Adaptive rejection sampling, MRC Biostatistics Unit, Software from the BSU. Available from http://www. mrc-bsu.cam.ac.uk/BSUsite/Research/software.shtml, 2004.

210. W. R. Gilks, N. G. Best, and K. K. C. Tan. Adaptive rejection Metropolis sampling within Gibbs sampling. *Applied Statistics*, 44:455–472, 1995.

211. W. R. Gilks, S. Richardson, and D. J. Spiegelhalter. *Markov Chain Monte Carlo Methods in Practice.* Chapman & Hall/CRC, London, 1996.

212. W. R. Gilks and G. O. Roberts. Strategies for improving MCMC. In W. R. Gilks, S. Richardson, and D. J. Spiegelhalter, editors, *Markov Chain Monte Carlo in Practice*, pages 89–114. Chapman & Hall/CRC, London, 1996.

213. W. R. Gilks, A. Thomas, and D. J. Spiegelhalter. A language and program for complex Bayesian modeling. *The Statistician*, 43:169–178, 1994.

214. W. R. Gilks and P. Wild. Adaptive rejection sampling for Gibbs sampling. *Applied Statistics*, 41:337–348, 1992.

215. P. E. Gill, G. H. Golub, W. Murray, and M. A. Saunders. Methods for modifying matrix factorizations. *Mathematics of Computation*, 28:505–535, 1974.

216. P. E. Gill and W. Murray. Newton-type methods for unconstrained and linearly constrained optimization. *Mathematical Programming*, 28:311–350, 1974.

217. P. E. Gill, W. Murray, and M. Wright. *Practical Optimization.* Academic Press, London, 1981.

218. P. Giudici and P. J. Green. Decomposable graphical Gaussian model determination. *Biometrika*, 86(4):785–801, 1999.

219. G. H. Givens. Empirical estimation of safe aboriginal whaling limits for bowhead whales. *Journal of Cetacean Research and Management*, 5:39–44, 2003.

220. G. H. Givens, J. R. Beveridge, and B. A. Draper. How features of the human face affect recognition: a statistical comparison of three face recognition algorithms. In *IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition.* 2004. To appear.

221. G. H. Givens, J. R. Beveridge, B. A. Draper, and D. Bolme. A statistical assessment of subject factors in the PCA recognition of human faces. In *IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition.* December 2003.

222. G. H. Givens and A. E. Raftery. Local adaptive importance sampling for multivariate densities with strong nonlinear relationships. *Journal of the American Statistical Association*, 91:132–141, 1996.

223. J. R. Gleason. Algorithms for balanced bootstrap simulations. *The American Statistican*, 42:263–266, 1988.

224. F. Glover. Tabu search. Part I. *ORSA Journal on Computing*, 1:190–206, 1989.

225. F. Glover. Tabu search, Part II. *ORSA Journal on Computing*, 2:4–32, 1990.

226. F. Glover and H. J. Greenberg. New approaches for heuristic search: a bilateral link with artificial intelligence. *European Journal of Operational Research,*39:119–130, 1989.

227. F. Glover and M. Laguna. Tabu search. In C. R. Reeves, editor, *Modern Heuristic Techniques for Combinatorial Problems*, Wiley, New York, 1993.

228. F. Glover and M. Laguna. *Tabu Search.* Kluwer, Boston, 1997.

229. F. Glover, E. Taillard, and D. de Werra. A user's guide to tabu search. *Annals of Operations Research,* 41:3–28, 1993.

230. S. J. Godsill. On the relationship between Markov chain Monte Carlo methods for model uncertainty. *Journal of Computational and Graphical Statistics*, 10(2):230–248, 2001.

231. D. E. Goldberg. *Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning.* Addison-Wesley, Reading, MA, 1989.

232. D. E. Goldberg. A note on Boltzmann tournament selection for genetic algorithms and population-oriented simulated annealing. *Complex Systems*, 4:445–460, 1990.

233. D. E. Goldberg and K. Deb. A comparative analysis of selection schemes used in genetic algorithms. In G. Rawlins, editor, *Foundations of Genetic Algorithms and Classifier Systems.* Morgan Kaufmann, San Mateo, CA, 1991.

234. D. E. Goldberg, K. Deb, and B. Korb. Messy genetic algorithms revisited: studies in mixed size and scale. *Complex Systems*, 4:415–444, 1990.

235. D. E. Goldberg, K. Deb, and B. Korb. Don't worry, be messy. In R. K. Belew and L. B. Booker, editors, *Proceedings of the 4th International Conference on Genetic Algorithms.* Morgan Kaufmann, San Mateo, CA, 1991.

236. D. E. Goldberg, B. Korb, and K. Deb. Messy genetic algorithms: motivation, analysis, and first results. *Complex Systems*, 3:493–530, 1989.

237. D. E. Goldberg and R. Lingle. Alleles, loci, and the travelling salesman problem. In J. J. Grefenstette, editor, *Proceedings of an International Conference on Genetic Algorithms and their Applications*, pages 154–159. Lawrence Erlbaum Associates, Hillsdale, NJ, 1985.

238. D. Goldfarb. A family of variable metric methods derived by variational means. *Mathematics of Computation*, 24:23–26, 1970.

239. A. A. Goldstein. On steepest descent. *SIAM Journal on Control and Optimization*, 3:147–151, 1965.

240. P. I. Good. *Permutation Tests: A Practical Guide to Resampling Methods for Testing Hypotheses.* Springer-Verlag, New York, 2nd edition, 2000.

241. P. I. Good. *Resampling Methods: A Practical Guide to Data Analysis.* Birkhäuser, Boston, 2nd edition, 2001.

242. B. S. Grant and L. L. Wiseman. Recent history of melanism in American peppered moths. *The Journal of Heredity*, 93:86–90, 2002.

243. P. J. Green. Reversible jump Markov chain Monte Carlo computation and Bayesian model determination. *Biometrika*, 82:711–732, 1995.

244. P. J. Green. Trans-dimensional Markov chain Monte Carlo. In P. J. Green, N. L. Hjort, and S. Richardson, editors, *Highly Structured Stochastic Systems*, pages 179–198. Oxford University Press, Oxford, 2003.

245. P. J. Green and B. W. Silverman. *Nonparametric Regression and Generalized Linear Models.* Chapman & Hall, New York, 1994.

246. J. W. Greene and K. J. Supowit. Simulated annealing without rejected moves. In *Proceedings of the IEEE International Conference on Computer Design.* 1984.

247. J. W. Greene and K. J. Supowit. Simulated annealing without rejected moves. *IEEE Transactions on Computer-Aided Design*, CAD-5:221–228, 1986.

248. U. Grenander and M. Miller. Representations of Knowledge in complex systems (with discussion). *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 56: 549–603, 1994.

249. B. Grund, P. Hall, and J. S. Marron. Loss and risk in smoothing parameter selection. *Journal of Nonparametric Statistics*, 4: 107–132, 1994.

250. C. Gu. Smoothing spline density estimation: a dimensionless automatic algorithm. *Journal of the American Statistical Association*, 88:495–504, 1993.

251. A. Guisan, T. C. Edwards, Jr., and T. Hastie. Generalized linear and generalized additive models in studies of speices distributions: setting the scene. *Ecological Modelling*, 157:89–100, 2002.

252. J. D. F. Habbema, J. Hermans, and K. Van Der Broek. A stepwise discriminant analysis program using density estimation. In G. Bruckman, editor, *COMPSTAT 1974, Proceedings in Computational Statistics.* Vienna, 1974. Physica-Verlag.

253. S. Haber. Numerical evaluation of multiple integrals. *SIAM Review*, 12: 481–526, 1970.

254. R. P. Haining. *Spatial Data Analysis: Theory and Practice.* Cambridge University Press, Cambridge, 2003.

255. B. Hajek. Cooling schedules for optimal annealing. *Mathematics of Operations Research*, 13: 311–329, 1988.

256. P. Hall. Large sample optimality of least squares cross-validation in density estimation. *Annals of Statistics*, 11:1156–1174, 1983.

257. P. Hall. Antithetic resampling for the bootstrap. *Biometrika*, 76:713–724, 1989.

258. P. Hall. *The Bootstrap and Edgeworth Expansion.* Springer-Verlag, New York, 1992.

259. P. Hall and J. S. Marron. Extent to which least squares cross-validation minimises integrated squared error in nonparametric density estimation. *Probability Theory and Related Fields*, 74: 567–581, 1987.

260. P. Hall and J. S. Marron. Lower bounds for bandwidth selection in density estimation. *Probability Theory and Related Fields*, 90: 149–173, 1991.

261. P. Hall, J. S. Marron, and B. U. Park. Smoothed cross-validation. *Probability Theory and Related Fields*, 92:1–20, 1992.

262. P. Hall, S. J. Sheather, M. C. Jones, and J. S. Marron. On optimal data-based bandwidth selection in kernel density estimation. *Biometrika*, 78: 263–269, 1991.

263. P. Hall and S. R. Wilson. Two guidelines for bootstrap hypothesis testing. *Biometrics*, 47:757–762, 1991.

264. J. M. Hammersley and K. W. Morton. A new Monte Carlo technique: antithetic variates. *Proceedings of the Cambridge Philosophical Society*, 52: 449–475, 1956.

265. M. H. Hansen and C. Kooperberg. Spline adaptation in extended linear models (with discussion). *Statistical Science*, 17:2–51, 2002.

266. P. Hansen and B. Jaumard. Algorithms for the maximum satisfiability problem. *Computing*, 44:279–303, 1990.

267. W. Härdle. Resistant smoothing using the fast Fourier transform. *Applied Statistics*, 36:104–111, 1986.

268. W. Härdle. *Applied Nonparametric Regression.* Cambridge University Press, Cambridge, 1990.

269. W. Härdle. *Smoothing Techniques: With Implementation in S.* Springer-Verlag, New York, 1991.

270. W. Hädle, P. Hall, and J. S. Marron. How far are automatically chosen regression smoothing parameters from their optimum? (with discussion). *Journal of the American Statistical Association*, 83:86–99, 1988.

271. W. Härdle, P. Hall, and J. S. Marron. Regression smoothing parameters that are not far from their optimum. *Journal of the American Statistical Association*, 87:227–233, 1992.

272. W. Härdle and J. S. Marron. Random approximations to an error criterion of nonparametric statistics. *Journal of Multivariate Analysis*, 20: 91–113, 1986.

273. W. Härdle and M. G. Schimek, editors. *Statistical Theory and Computational Aspects of Smoothing.* Physica-Verlag, Heidelberg, 1996.

274. W. Härdle and D. Scott. Smoothing by weighted averaging using rounded points. *Computational Statistics*, 7:97–128, 1992.

275. G. H. Hardy. Mendelian proportions in a mixed population. *Science*, 28:49–50, 1908.

276. J. A. Hartigan and M. A. Wong. A k-means clustering algorithm. *Applied Statistics*, 28:100–108, 1979.

277. T. J. Hastie. Principal curve library for S. Available from http://lib.stat.cmu.edu/, 2004.

278. T. J. Hastie and D. Pregibon. Generalized linear models. In J. M. Chambers and T. J. Hastie, editors, *Statistical Models in S.* Chapman & Hall, New York, 1993.

279. T. J. Hastie and W. Steutzle. Principal curves. *Journal of the American Statistical Association*, 84:502–516, 1989.

280. T. J. Hastie and R. J. Tibshirani. *Generalized Additive Models.* Chapman & Hall, New York, 1990.

281. T. J. Hastie, R. J. Tibshirani, and J. Friedman. *The Elements of Statistical Learning: Data Mining, Inference, and Prediction.* Springer-Verlag, New York, 2001.

282. W. K. Hastings. Monte Carlo sampling methods using Markov chains and their applications. *Biometrika*, 57:97–109, 1970.

283. P. Henrici. *Elements of Numerical Analysis.* Wiley, New York, 1964.

284. T. Hesterberg. Weighted average importance sampling and defensive mixture distributions. *Technometrics*, 37:185–194, 1995.

285. D. Higdon. Comment on "Spatial statistics and Bayesian computation" by Besag and Green. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B,* 55(1): 78, 1993.

286. D. M. Higdon. Auxiliary variable methods for Markov chain Monte Carlo with applications. *Journal of the American Statistical Association*, 93: 585–595, 1998.

287. S. E. Hills and A. F. M. Smith. Parameterization issues in Bayesian inference. In J. M. Bernardo, J. O. Berger, A. P. Dawid, and A. F. M. Smith, editors, *Bayesian Statistics 4*, pages 227–246. Oxford University Press, Oxford, 1992.

288. J. S. U. Hjorth. *Computer Intensive Statistical Methods: Validation, Model Selection, and Bootstrap.* Chapman & Hall, New York, 1994.

289. J. A. Hoeting, D. Madigan, A. E. Raftery, and C. T. Volinsky. Bayesian model averaging: a tutorial (with discussion). *Statistical Science*, 14: 382–417, 1999.

290. J. A. Hoeting, A. E. Raftery, and D. Madigan. Bayesian variable and transformation selection in linear regression. *Journal of Computational and Graphical Statistics*, 11(3):485–507, 2002.

291. J. H. Holland. *Adaptation in Natural and Artificial Systems.* University of Michigan Press, Ann Arbor, 1975.

292. C. C. Holmes and B. K. Mallick. Generalized nonlinear modeling with multivariate freeknot regression splines. *Journal of the American Statistical Association*, 98(462): 352–368, 2003.

293. A. Homaifar, S. Guan, and G. E. Liepins. Schema analysis of the traveling salesman problem using genetic algorithms. *Complex Systems*, 6:533–552, 1992.

294. D. W. Hosmer and S. Lemeshow. *Applied Logistic Regression.* Wiley, New York, 2000.

295. Y. F. Huang and P. M. Djuric. Variable selection by perfect sampling. *EURASIP Journal on Applied Signal Processing*, pages 38–45, 2002.

296. P. J. Huber. Projection pursuit. *Annals of Statistics*, 13:435–475, 1985.

297. K. Hukushima and K. Nemoto. Exchange Monte Carlo method and application to spin glass simulations. *Journal of the Physical Society of Japan*, 64: 1604–1608, 1996.

298. J. N. Hwang, S. R. Lay, and A. Lippman. Nonparametric multivariate density estimation: a comparative study. *IEEE Transactions on Signal Processing*, 42:2795–2810, 1994.

299. A. C. Jacinto, R. D. Ambrosini, and R. F. Danesi. Experimental and computational analysis of plates under air blast loading. *International Journal of Impact Engineering*, 25:927–947, 2001.

300. M. Jamshidian and R. I. Jennrich. Conjugate gradient acceleration of the EM algorithm. *Journal of the American Statistical Association*, 88: 221–228, 1993.

301. M. Jamshidian and R. I. Jennrich. Acceleration of the EM algorithm by using quasi-Newton methods. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 59:569–587, 1997.

302. M. Jamshidian and R. I. Jennrich. Standard errors for EM estimation. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 62:257–270, 2000.

303. C. Z. Janikow and Z. Michalewicz. An experimental comparison of binary and floating point representations in genetic algorithms. In R. K. Belew and L. B. Booker, editors, *Proceedings of the 4th International Conference on Genetic Algorithms.* Morgan Kaufmann, San Mateo, CA, 1991.

304. B. Jansen. *Interior Point Techniques in Optimization: Complementarity, Sensitivity and Algorithms.* Kluwer, Boston, 1997.

305. P. Jarratt. A review of methods for solving nonlinear algebraic equations in one variable. In P. Rabinowitz, editor, *Numerical Methods for Nonlinear Algebraic Equations.* Gordon and Breach, London, 1970.

306. R. G. Jarrett. A note on the intervals between coal-mining disasters. *Biometrika*, 66:191–193, 1979.

307. H. Jeffreys. *Theory of Probability.* Oxford University Press, New York, 3rd edition, 1961.

308. D. S. Johnson. *Bayesian Analysis of State-Space Models for Discrete Response Compositions.* Ph. D. thesis, Colorado State University, 2003.

309. D. S. Johnson, C. R. Aragon, L. A. McGeoch, and C. Schevon. Optimization by simulated annealing: an experimental evaluation; part I, graph partitioning. *Operations Research*, 37:865–892, 1989.

310. L. W. Johnson and R. D. Riess. *Numerical Analysis.* Addison-Wesley, Reading, MA, 1982.

311. R. W. Johnson. Fitting percentage of body fat to simple body measurements. *Journal of Statistics Education*, 4(1), 1996.

312. M. C. Jones. Variable kernel density estimates. *Australian Journal of Statistics*, 32:361–371, 1990.

313. M. C. Jones. The roles of ISE and MISE in density estimation. *Statistics and Probability Letters*, 12:51–56, 1991.

314. M. C. Jones, J. S. Marron, and B. U. Park. A simple root n bandwidth selector. *Annals of Statistics*, 19:1919–1932, 1991.

315. M. C. Jones, J. S. Marron, and S. J. Sheather. A brief survey of bandwidth selection for density estimation. *Journal of the American Statistical Association*, 91:401-407, 1996.

316. M. C. Jones, J. S. Marron, and S. J. Sheather. Progress in data-based bandwidth selection for kernel density estimation. *Computational Statistics*, 11:337–381, 1996.

317. B. H. Juang and L. R. Rabiner. Hidden Markov models for speech recognition. *Technometrics*, 33:251–272, 1991.

318. N. Karmarkar. A. new polynomial-time algorithm for linear programming. *Combinatorica*, 4: 373–395, 1984.

319. J. R. Karr and D. R. Dudley. Ecological perspectives on water quality goals. *Environmental Management*, 5(1): 55–68, 1981.

320. R. E. Kass, B. P. Carlin, A. Gelman, and R. M. Neal. Markov chain Monte Carlo in practice: a roundtable discussion. *The American Statistican*, 52:93–100, 1998.

321. R. E. Kass and A. E. Raftery. Bayes factors. *Journal of the American Statistical Association*, 90: 773–795, 1995.

322. D. E. Kaufman and R, L. Smith. Direction choice for accelerated convergence in hit-and-run sampling. *Operations Research*, 46:84–95, 1998.

323. B. Kégl. Principal curve webpage. Available from http://www.iro.umontreal.ca/~kegl/research/pcurves/.

324. A. G. Z. Kemna and A. C. F. Vorst. A pricing method for options based on average asset values, *Journal of Banking and Finance*, 14: 113–129, 1990.

325. M. Kendall and A. Stuart. *The Advanced Theory of Statistics*, volume 1. Macmillan, New York, 4th edition, 1977.

326. W. J. Kennedy, Jr. and J. E. Gentle. *Statistical Computing.* Marcel Dekker, New York, 1980.

327. H. F. Khalfan, R. H. Byrd, and R. B. Schnabel. A theoretical and experimental study of the symmetric rank-one update. *SIAM Journal of Optimization*, 3:1–24, 1993.

328. D. R. Kincaid and E. W. Cheney. *Numerical Analysis.* Wadsworth, Belmont, CA, 1991.

329. R. Kindermann and J. L. Snell. *Markov Random Fields and their Applications*, volume 1 of Contemporary Mathematics. American Mathematical Society, Providence, 1980.

330. S. Kirkpatrick, C. D. Gellat, and M. P. Vecchi. Optimization by simulated annealing. *Science*, 220:671–680, 1983.

331. S. Klinke and J. Grassmann. Projection pursuit regression. In M. G. Schimek, editor, *Smoothing and Regression: Approaches, Computation, and Application*, pages 277–327. Wiley, New York, 2000.

332. T. Kloek and H. K. Van Dijk. Bayesian estimates of equation system parametres: an application of integration by Monte Carlo. *Econometrica*, 46:1–20, 1978.

333. L. Knorr-Held and H. Rue. On block updating in Markov random field models for disease mapping. *Scandinavian Journal of Statistics*, 29(4):567–614, 2002.

334. D. Knuth. *The Art of Computer Programming 2: Seminumerical Algorithms.* Addison-Wesley, Reading, MA, 3rd edition, 1997.

335. M. Kofler. *Maple: An Introduction and Reference.* Addison-Wesley, Reading, MA, 1997.

336. A. Kong, J. S. Liu, and W. H. Wong. Sequential imputations and Bayesian missing data problems. *Journal of the American Statistical Association*, 89:278–288, 1994.

337. A. S. Konrod. *Nodes and Weights of Quadrature Formulas.* Consultants Bureau Enterprises, Inc., New York, 1966.

338. C. Kooperberg. Polspline. Available from http://cran.r-project.org/src/contrib/Descriptions/polspline, 2004.

339. C. Kooperberg and C. J. Stone. Logspline density estimation. *Computational Statistics and Data Analysis*, 12:327–347, 1991.

340. C. Kooperberg and C. J. Stone. Logspline density estimation for censored data. *Journal of Computational and Graphical Statistics*, 1:301–328, 1992.

341. C. Kooperberg, C. J. Stone, and Y. K. Truong. Hazard regression. *Journal of the American Statistical Association*, 90:78–94, 1995.

342. T. Koski. *Hidden Markov Models of Bioinformatics.* Kluwer, Dordrecht, Netherlands, 2001.

343. V. I. Krylov, translated by A. H. Stroud. *Approximate Calculation of Integrals.* Macmillan, New York, 1962.

344. H. R. Künsch. The jackknife and the bootstrap for general stationary observations. *Annals of Statistics*, 17:1217–1241, 1989.

345. C. Lalas and B. Murphy. Increase in the abundance of New Zealand fur seals at the Catlins, South Island, New Zealand. *Journal of the Royal Society of New Zealand*, 28:287–294, 1998.

346. D. Lamberton and B. Lapeyre. *Introduction to Stochastic Calculus Applied to Finance.* Chapman & Hall, London, 1996.

347. K. Lange. A gradient algorithm locally equivalent to the EM algorithm. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 57:425–437, 1995.

348. K. Lange. A quasi-Newton acceleration of the EM algorithm. *Statistica Sinica*, 5:1–18, 1995.

349. K. Lange. *Numerical Analysis for Statisticians.* Springer-Verlag, New York, 1999.

350. K. Lange, D. R. Hunter, and I. Yang. Qptimization transfer using surrogate objective functions(with discussion). *Journal of Computational and Graphical Statistics*, 9:1–59, 2000.

351. A. B. Lawson. *Statistical Methods in Spatial Epidemiology.* Wiley, New York. 2001.

352. H. Li and G. S. Maddala. Bootstrapping time series models(with discussion). *Econometric Reviews*, 15:115–195, 1996.

353. S. Z. Li. *Markov Random Field Modeling in Image Analysis.* Springer-Verlag. Tokoyo, 2001.

354. R. J. A. Little and D. B. Rubin. *Statistical Analysis with Missing Data.* Wiley, Hoboken, NJ, 2nd edition, 2002.

355. E. L. Little, Jr. *Atlas of United States Trees, Minor Western Hardwoods*, volume 3 of Miscellaneous Publication 1314. US Department of Agriculture, 1976.

356. C. Liu and D. B. Rubin. The ECME algorithm: a simple extension of EM and ECM with faster monotone convergence. *Biometrika*. 81:633–648, 1994.

357. J. S. Liu. *Monte Carlo Strategies in Scientific Computing*. Springer-Verlag, New York, 2001.

358. J. S. Liu and R. Chen. Sequential Monte Carlo Methods for dynamical systems. *Journal of the American Statistical Association*, 93:1032–1044, 1998.

359. J. S. Liu, F. Liang, and W. H. Wong. The multipe-try method and local optimization in Metropolis sampling. *Journal of the American Statistical Association*, 95:121–134, 2000.

360. J. S. Liu, D. B. Rubin, and Y. Wu. Parameter expansion to accelerate EM: the PX-EM algorithm. *Biometrika*, 85:755–770, 1998.

361. C. R. Loader. Bandwidth selection: classical or plug-in? *Annals of Statistics*, 27:415–438, 1999.

362. P. O. Loftsgaarden and C. P. Quesenberry. A nonparametric estimate of a multivariate probability density function. *Annals of Mathematical Statistics*, 28:1049–1051, 1965.

363. T. A. Louis. Finding the observed information matrix when using the EM algorithm. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 44:226–233, 1982.

364. M. Lundy and A. Mees. Convergence of an annealing algorithm. *Mathematical Programming*, 34:111–124, 1986.

365. S. N. MacEachern and L. M. Berliner. Subsampling the Gibbs sampler. *The American Statistican*, 48(3):188–190, 1994.

366. N. Madras. *Lecture Notes on Monte Carlo Methods*. American Mathematical Society, Providence, RI, 2002.

367. N. Madras and M. Piccioni. Importance sampling for families of distributions. *The Annals of Applied Probability*, 9:1202–1225, 1999.

368. B. A. Maguire, E. S. Pearson, and A. H. A. Wynn. The time intervals between industrial accidents. *Biometrika*, 39:168–180, 1952.

369. C. L. Mallows. Some comments on C_p. *Technometrics*, 15:661–675, 1973.

370. E. Mammen. Resampling methods for nonparametric regression. In M. G. Schimek, editor, *Smoothing and Regression: Approaches, Computation, and Application*. Wiley, New York, 2000.

371. E. Marinari and G. Parisi. Simulated tempering: a new Monte Carlo scheme. *Europhysics Letters*, 19:451–458, 1992.

372. J. S. Maritz. *Distribution Free Statistical Methods*. Chapman & Hall, London, 2nd edition, 1996.

373. J. S. Marron and D. Nolan. Canonical Kernels for density estimation. *Statistics and Probability Letters*, 7:195–199, 1988.

374. G. Marsaglia. Random variables and computers. In *Transactions of the Third Prague*

Conference on Information Theory, Statistical Decision Functions and Random Processes. Czechoslovak Academy of Sciences, Prague, 1964.

375. G. Marsaglia. The squeeze method for generating gamma variates. *Computers and Mathematics with Applications*, 3:321–325, 1977.
376. G. Marsaglia. The exact-approximation method for generating random variables in a computer. *Journal of the American Statistical Association*, 79:218–221, 1984.
377. G. Marsaglia and W. W. Tsang. A simple method for generating gamma variables. *ACM Transactions on Mathematical Software*, 26:363–372, 2000.
378. W. L. Martinez and A. R. Martinez. *Computational Statistics Handbook with MATLAB*. Chapman & Hall/CRC, Boca Raton, FL, 2002.
379. P. McCullagh and J. A. Nelder. *Generalized Linear Models*. Chapman & Hall, New York, 1989.
380. G. J. McLachlan and T. Krishnan. *The EM Algorithm and Extensions*. Wiley, New York, 1997.
381. I. Meilijson. A fast improvement to the EM algorithm on its own terms. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 51:127–138, 1989.
382. J. Meinguet. Multivariate interpolation at arbitrary points made simple. *Journal of Applied Mathematics and Physics*, 30:292–304, 1979.
383. X. -L. Meng. On the rate of convergence of the ECM algorithm. *Annals of Statistics*, 22:326–339, 1994.
384. X. -L. Meng and D. B. Rubin. Using EM to obtain asymptotic variance-covariance matrices: the SEM algorithm. *Journal of the American Statistical Association*, 86:899–909, 1991.
385. X. -L. Meng and D. B. Rubin. Maximum likelihood estimation via the ECM algorithm:a general framework. *Biometrika*, 80:267–278, 1993.
386. X. -L Meng and D. B. Rubin. On the global and componentwise rates of convergence of the EM algorithm. *Linear Algebra and its Applications*, 199:413–425, 1994.
387. X. -L Meng and D. van Dyk. The EM algorithm—an old folk-song sung to a fast new tune. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 59:511–567, 1997.
388. X. -L. Meng and W. H. Wong. Simulating ratios of normalizing constants via a simple identity: a theoretical exploration. *Statistica Sinica*, 6:831–860, 1996.
389. K. L. Mengersen, C. P. Robert, and C. Guihenneuc-Jouyaux. MCMC convergence diagnostics: a "reviewwww"(with discussion). In J. O. Berger. J. M. Bernardo, A. P. Dawid, D. V. Lindley, and A. F. M. Smith, editors, *Bayesian Statistics 6*, pages 415–440. Oxford University Press, Oxford, 1999.
390. R. C. Merton. Theory of rational option pricing. *Bell Journal of Economics and Management Science*, 4:141–183, 1973.
391. N. Metropolis, A. W. Rosenbluth, M. N. Rosenbluth, A. H. Teller, and E. Teller. Equation of state calculation by fast computing machines. *Journal of Chemical Physics*,

21:1087–1091, 1953.

392. N. Metropolis and S. Ulam. The Monte Carlo method. *Journal of the American Statistical Association*, 44:335–341, 1949.

393. S. P. Meyn and R. L. Tweedie. *Markov Chains and Stochastic Stability*. Springer-Verlag, New York, 1993.

394. Z. Michalewicz. *Genetic Algorithms+Data Structures=Evolution Programs*. Springer-Verlag, New York, 1992.

395. Z. Michalewicz and D. B. Fogel. *How to Solve It: Modern Heuristics*. Springer-Verlag, New York, 2000.

396. A. J. Miller. *Subset Selection in Regression*. Chapman & Hall/CRC, Boca Raton, FL, 2nd edition, 2002.

397. A. Mira, J. Mϕller, and G. O. Roberts. Perfect slice samplers. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 63(3):593–606, 2001.

398. A. Mira and L. Tierney. Efficiency and convergence properties of slice samplers. *Scandinavian Journal of Statistics*, 29(1):1–12, 2002.

399. J. Mϕller. Perfect simulation of conditionally specified models. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 61(1):251–264, 1999.

400. J. F. Monahan. *Numerical Methods of Statistics*. Cambridge University Press, Cambridge, 2001.

401. A. M. Mood, F. A. Graybill, and D. C. Boes. *Introduction to the Theory of Statistics*. McGraw-Hill, New York, 3rd edition, 1974.

402. R. J. Muirhead. *Aspects of Multivariate Statistical Theory*. Wiley, New York, 1982.

403. D. J. Murdoch and P. J. Green. Exact sampling from a continuous state space. *Scandinavian Journal of Statistics*, 25(3):483–502, 1998.

404. D. J. Murdoch and J. S. Rosenthal. Efficient use of exact samples. *Statistics and Computing*, 10:237–243, 2000.

405. W. Murray, editor. *Numerical Methods for Unconstrained Optimization*. Academic Press, New York, 1972.

406. E. A Nadaraya. On estimating regression. *Theory of Probability and Its Applications*, 10:186–190, 1964.

407. Y. Nagata and S. Kobayashi. Edge assembly crossover: a high-power genetic algorithm for the traveling salesman problem. In T. Bäck, editor, *Proceedings of the 7th International Conference on Genetic Algorithms*. Morgan Kaufmann, Los Altos, CA, 1997.

408. J. C. Naylor and A. F. M. Smith. Applications of a method for the efficient computation of posterior distributions. *Applied Statistics*, 31:214–225, 1982.

409. R. Neal. Sampling from multimodal distributions using tempered transitions. *Statistics and Computing*, 6:353–366, 1996.

410. R. M. Neal. Slice sampling. *The Annals of Statistics*, 31(3):705–767, 1999.

411. J. A Nelder and R. Mead. A simplex method for function minimization. *Computer Journal*, 7:308–313, 1965.

412. J. Neter, M. H. Kutner, C. J. Nachtsheim, and W. Wasserman. *Applied Linear Statistical Models*. Irwin, Chicago, 1996.

413. M. A. Newton and C. J. Geyer. Bootstrap recycling: a Monte Carlo alternative to the nested bootstrap. *Journal of the American Statistical Association*, 89:905–912, 1994.

414. M. A. Newton and A. E. Raftery. Approximate Bayesian inference with the weighted likelihood bootstrap (with discussion). *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 56:3–48, 1994.

415. J. Nocedal and S. J. Wright. *Numerical Optimization*. Springer-Verlag, New York, 1999.

416. I. Ntzoufras, P. Dellaportas, and J. J. Forster. Bayesian variable and link determination for generalised linear models. *Journal of Statistical Planning and Inference*, 111(1-2):165–180, 2003.

417. J. Null. Golden Gate Weather Services, Climate of San Francisco. Available from http://ggweather.com/sf/climate.html.

418. Numerical Recipes Home Page. Available from http://www.nr.com, 2003.

419. M. S. Oh and J. O. Berger. Adaptive importance sampling in Monte Carlo integration. *Journal of Statistical Computation and Simulation*, 41:143–168, 1992.

420. M. S. Oh and J. O. Berger. Integration of Multimodal functions by Monte Carlo importance sampling. *Journal of the American Statistical Association*, 88:450–456, 1993.

421. I. Oliver, D. Smith, and J. R. Holland. A study of permutation crossover operators on the traveling salesman problem. In J. J. Grefenstette, editor, *Proceedings of the 2nd International Conference on Genetic Algorithms*, pages 224–230. Lawrence Erlbaum Associates, Hillsdale, NJ, 1987.

422. J. M. Ortega, W. C. Rheinboldt, and J. M. Orrega. *Iterative Solution of Nonlinear Equations in Several Variables*. SIAM, Philadelphia, 2000.

423. A. M. Ostrowski. *Solution of Equations and Systems of Equations*. Academic Press, New York, 2nd edition, 1966.

424. F. O'Sullivan. Discussion of "Some aspects of the spline smoothing approach to non-parametric regression curve fitting" by Silverman. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 47:39–40, 1985.

425. C. H. Papadimitriou and K. Steiglitz. *Combinatorial Optimization: Algorithms and Complexity*. Prentice-Hall, Englewood Cliffs, NJ, 1982.

426. B. U. Park and J. S. Marron. Comparison of data-driven bandwidth selectors. *Journal of the American Statistical Association*, 85:66–72, 1990.

427. B. U. Park and B. A. Turlach. Practical performance of several data driven bandwidth selectors. *Computational Statistics*, 7:251–270, 1992.

428. C. Pascutto, J. C. Wakefield, N. G. Best, S. Richardson, L. Bernardinelli, A. Staines, and P. Elliott. Statistical issues in the analysis of disease mapping data. *Statistics in Medicine*, 19:2493–2519, 2000.

429. A. Penttinen. *Modelling Interaction in Spatial Point Patterns: Parameter Estimation by the Maximum Likelihood Method.* Ph.D. thesis, University of Jyväskylä, 1984.

430. A. Philippe. Processing simulation output by Riemann sums. *Journal of Statistical Computation and Simulation*, 59:295–314, 1997.

431. A. Philippe and C. P. Robert. Riemann sums for MCMC estimation and convergence monitoring. *Statistics and Computing*, 11:103–115, 2001.

432. D. B. Phillips and A. F. M. Smith. Bayesian model comparison via jump diffusions. In S. T. Richardson W. R. Gilks and D. J. Spiegelhalter, editors,*Markov Chain Monte Carlo in Practice*, pages 215–240. Chapman & Hall/CRC, London, 1996.

433. E. J. G. Pitman. Significance tests which may be applied to samples from any population. *Royal Statistical Society Supplement*, 4:119–130, 225–232, 1937.

434. E. J. G. Pitman. Significance tests which may be applied to samples from any population. Part iii. The analysis of variance test. *Biometrika*, 29:322–335, 1938.

435. M. J. D. Powell. A view of unconstrained optimization. In L. C. W. Dixon, editor, *Optimization in Action*, pages 53–72. Academic Press, London, 1976.

436. G. Pozrikidis. *Numerical Computation in Science and Engineering.* Oxford University Press, New York, 1998.

437. J. Propp and D. Wilson. Coupling from the past: a user's guide. In D. Aldous and J. Propp, editors, *Microsurveys in Discrete Probability*, volume 41 of DIMACS Series in Discrete Mathematics and Theoretical Computer Science, pages 181-192. American Mathematical Society, 1998.

438. J. G. Propp and D. B. Wilson. Exact sampling with coupled Markov chains and applications to statistical mechanics. *Random Structures and Algorithms*, 9:223–252, 1996.

439. M. H. Protter and C. B. Morrey. *A First Course in Real Analysis.* Springer-Verlag, New York, 1977.

440. J. R. Quinlan. *C4.5: Programs for Machine Learning.* Morgan Kaufmann, San Mateo, CA, 1993.

441. L. R. Rabiner and B. H. Juang. An introduction to hidden Markov Models. *IEEE Acoustics, Speech, and Signal Processing Magazine*, 3:4–16, 1986.

442. N. J. Radcliffe. Equivalence class analysis of genetic algorithms. *Complex Systems*, 5:183–205, 1991.

443. A. E. Raftery and V. E. Akman. Bayesian analysis of a Poisson process with a change point. *Biometrika*, 73:85–89, 1986.

444. A. E. Raftery and S. M. Lewis. How many iterations in the Gibbs sampler? In J. M. Bernardo, J. O. Berger, A. P. Dawid, and A. F. M Smith, editors, *Bayesian Statistics 4*, pages 763–773. Oxford University Press, Oxford, 1992.

445. A. E. Raftery, D. Madigan, and J. A. Hoeting. Bayesian model averaging for linear regression models. *Journal of the American Statistical Association*, 92:176–191, 1997.

446. A. E. Raftery and J. E. Zeh. Estimating bowhead whale, *Balaena mysticetus*, population size and rate of increase from the 1993 census. *Journal of the American Statistical Association*, 93:451–463, 1998.

447. R. A. Redner and H. F. Walker. Mixture densities, maximum likelihood and the EM algorithm. *SIAM Review*, 26:195–239, 1984.

448. C. R. Reeves. Genetic algorithms. In C. R. Reeves, editor, *Modern Heuristic Techniques for Combinatorial Problems*. Wiley, New York, 1993.

449. C. R. Reeves. A genetic algorithm for flowshop sequencing. *Computers and Operations Research*, 22(1):5–13, 1995.

450. C. R. Reeves and J. E. Rowe. *Genetic Algorithms–Principles and Perspectives*. Kluwer, Norwell, MA, 2003.

451. C. R. Reeves and N. C. Steele. A genetic algorithm approach to designing neural network architecture. In *Proceedings of the 8th International Conference on Systems Engineering*. 1991.

452. J. R. Rice. *Numerical Methods, Software, and Analysis*. McGraw-Hill, New York, 1983.

453. S. Richardson and P. J. Green. On Bayesian analysis of mixtures with an unknown number of components(with discussion). *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 59:731–792, 1997. Correction, 1998, p. 661.

454. C. J. F. Ridders. 3-point iterations derived from exponential curve fitting. *IEEE Transactions on Circuits and Systems*, 26:669–670, 1979.

455. B. Ripley. Computer generation of random variables. *International Statistical Review*, 51:301–319, 1983.

456. B. Ripley. *Stochastic Simulation*. Wiley, New York, 1987.

457. B. D. Ripley. *Pattern Recognition and Neural Networks*. Cambridge University Press, 1996.

458. C. Ritter and M. A. Tanner. Facilitating the Gibbs sampler: the Gibbs stopper and the griddy-Gibbs sampler. *Journal of the American Statistical Association*, 87(419):861–868, 1992.

459. C. P. Robert. *Discretization and MCMC Convergence Assessment*, volume 135 of Lecture Notes in Statistics. Springer-Verlag, New York, 1998.

460. C. P. Robert and G. Casella. *Monte Carlo Statistical Methods*. Springer-Verlag, New York, 1999.

461. G. O. Roberts, A, Gelman, and W. R. Gilks. Weak convergence and optimal scaling or random walk Metropolis algorithms. *The Annals of Probability*, 7(1):110–120, 1997.

462. G. O. Roberts and J. S. Rosenthal. Convergence of slice sampler Markov chains. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 61:613–660, 1999.

463. G. O. Roberts and S. K. Sahu. Updating schemes, correlation structure, blocking and parameterization for the Gibbs sampler. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 59(2):291–317, 1997.

464. G. O. Roberts and R. L. Tweedie. Exponential convergence of Langevin diffusions and their discrete approximations. *Bernoulli*, 2:344–364, 1996.

465. C. Roos, T. Terlaky, and J. P. Vial. *Theory and Algorithms for Linear Optimization: An Interior Point Approach.* Wiley, Chichester, UK, 1997.

466. S. M. Ross. *Simulation.* Academic Press, San Diego, CA, 2nd edition, 1997.

467. S. M. Ross. *Introduction to Probability Models.* Academic Press, 7th edition, 2000.

468. R. Y. Rubenstein. *Simulation and the Monte Carlo Method.* Wiley, New York, 1981.

469. D. B. Rubin. The Bayesian bootstrap. *Annals of Statistics*, 9:130–134, 1981.

470. D. B. Rubin. A noniterative sampling/importance resampling alternative to the data augmentation algorithm for creating a few imputations when fractions of missing information are modest: the SIR algorihm. Discussion of M. A. Tanner and W. H. Wong. *Journal of the American Statistical Association*, 82:543–546, 1987.

471. D, B, Rubin. Using the SIR algorithm to simulate posterior distributions. In J. M. Bernardo, M. H. DeGroot, D. V. Lindley, and A. F. Smith, editors, *Bayesian Statistics 3*, pages 395–402. Clarendon Press, Oxford, 1988.

472. M. Rudemo. Empirical choice of histograms and kernel density estimators. *Scandinavian Journal of Statistics*, 9:65–78, 1982.

473. W. Rudin. *Principles of Mathematical Analysis.* McGraw-Hill, New York, 3rd edition, 1976.

474. H. Rue. Fast sampling of Gaussian Markov random fields. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 63:325–338, 2001.

475. D. Ruppert, S. J. Sheather, and M. P. Wand. An effective bandwidth selector for local least squares regression. *Journal of the American Statistical Association*, 90:1257–1270, 1995.

476. *S-Plus, Version 6.1.* Copyright 1998, 2002, Insightful Corporation. Available from http://www.insightful.com.

477. S. M. Sait and H. Youssef. *Iterative Computer Algorithms with Applications to Engineering: Solving Combinatorial Optimization Problems.* IEEE Computer Society Press, Los Alamitos, CA, 1999.

478. D. B. Sanders, J. M. Mazzarella, D. C. Kim, J. A. Surace, and B. T. Soifer. The IRAS revised bright galaxy sample(RGBS). *The Astronomical Journal*, 126:1607–1664, 2003.

479. G. Sansone. *Orthogonal Functions.* Interscience Publishers, New York, 1959.

480. D. J. Sargent, J. S. Hodges, and B. P. Carlin. Structured Markov chain Monte Carlo. *Journal of Computational and Graphical Statistics*, 9(2):217–234, 2000.

481. L. Scaccia and P. J. Green. Bayesian growth curves using normal mixtures with nonparametric weights. *Journal of Computational and Graphical Statistics*, 12(2):308–331,

2003.

482. J. D. Schaffer, R. A. Caruana, L. J. Eshelman, and R. Das. A study of control parameters affecting online performance of genetic algorithms for function optimization. In J. D. Schaffer, editor, *Proceedings of the 3rd International Conference on Genetic Algorithms.* Morgan Kaufmann, Los Altos, CA, 1989.

483. T. Schiex and C. Gaspin. CARTHAGENE:constructing and joining maximum likelihood genetic maps. In T. Gaasterland, P. D. Karp, K. Karplus, C. Ouzounis, C. Sander, and A. Valencia, editors, *Proceedings of the 5th International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology*, pages 258–267. Menlo Park, CA, 1997. Association for Artificial Intelligence (AAAI).

484. M. G. Schimek, editor. *Smoothing and Regression: Approaches, Computation, and Application.* Wiley, New York, 2000.

485. M, G. Schimek and B. A. Turlach. Additive and generalized additive models. In M. G. Schimek, editor, *Smoothing and Regression: Approaches, Computation, and Application*, pages 277–327. Wiley, New York, 2000.

486. U. Schneider and J. N. Corcoran. Perfect simulation for Bayesian model selection in a linear regression model. *Journal of Statistical Planning and Inference*, 126(1):153–171, 2004.

487. C. Schumacher, D. Whitley, and M. Vose. The no free lunch and problem description length. In *Genetic and Evolutionary Computation Conference, GECCO-2001*, pages 565–570. Morgan Kaufmann, San Mateo, CA, 2001.

488. L. L. Schumaker. *Spline Functions: Basic Theory.* Wiley, New York, 1993.

489. E. F. Schuster and G. G. Gregory. On the nonconsistency of maximum likelihood density estimators. In W. G. Eddy, editor, *Proceedings of the Thirteenth Interface of Computer Science and Statistics*, pages 295–298. Springer-Verlag, New York, 1981.

490. G. Schwartz. Estimating the dimension of a model. *Annals of Statistics*, 6:497–511, 1978.

491. D. W. Scott. Average shifted histograms: effective nonparametric estimators in several dimensions. *Annals of Statistics*, 13:1024–1040, 1985.

492. D. W. Scott. *Multivariate Density Estimation: Theory, Practice, and Visualization.* Wiley, New York, 1992.

493. D. W. Scott and L. E. Factor. Monte Carlo study of three data-based nonparametric density estimators. *Journal of the American Statistical Association*, 76:9–15, 1981.

494. D. W. Scott and G. R. Terrell. Biased and unbiased cross-validation in density estimation. *Journal of the American Statistical Association*, 82:1131–1146, 1987.

495. J. M. Scott, P. J. Heglund, M. L. Morrison, J. B. Haufler, M. G. Raphael, W. Q. Wall, and F. B. Samson, editors, *Predicting Species Occurrences—Issues of Accuracy and Scale.* Island Press, Washington, DC, 2002.

496. G. A. F. Seber. *The Estimation of Animal Abundance and Related Parameters.* Charles Griffin, London, 2nd edition, 1982.

497. R. J. Serfling. *Approximation Theorems of Mathematical Statistics.* Wiley, New York, 1980.

498. R. Seydel. *Tools for Computational Finance.* Springer-Verlag, Berlin, 2002.

499. K. Shahookar and P. Mazumder. VLSI cell placement techniques. *ACM Computing Surveys*, 23:143–220, 1991.

500. D. F. Shanno. Conditioning of quasi-Newton methods for function minimization. *Mathematics of Computation*, 24:647–657, 1970.

501. J. Shao and D. Tu. *The Jackknife and Bootstrap.* Springer-Verlag, New York, 1995.

502. S. J. Sheather. The performance of six popular bandwidth selection methods on some real data sets. *Computational Statistics*, 7:225–250, 1992.

503. S. J. Sheather and M. C. Jones. A reliable data-based bandwidth selection method for kernel density estimation. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 53:683–690, 1991.

504. G. R. Shorack. *Probability for Statisticians.* Springer-Verlag, New York, 2000.

505. B. W. Silverman. Kernel density estimation using the fast Fourier transform. *Applied Statistics*, 31:93–99, 1982.

506. B. W. Silverman. Some aspects of the spline smoothing approach to non-parametric regression curve fitting(with discussion). *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 47:1–52, 1985.

507. B. W. Silverman. *Density Estimation for Statistics and Data Analysis.* Chapman & Hall, London, 1986.

508. J. S. Simonoff, *Smoothing Methods in Statistics.* Springer-Verlag, New York, 1996.

509. D. J. Sirag and P. T. Weisser. Towards a unified thermodynamic genetic operator. In J. J. Grefenstette, editor, *Proceedings of the 2nd International Conference on Genetic Algorithms and Their Applications.* Lawrence Erlbaum Associates, Hillsdale, NJ, 1987.

510. A. F. M. Smith and G. O. Roberts. Bayesian computation via the Gibbs sampler and related Markov chain Monte Carlo methods (with discussion). *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 55:3–23, 1993.

511. A. F. M. Smith, A. M. Skene, J. E. H. Shaw, and J. C. Naylor. Progress with numerical and graphical methods for practical Bayesian statistics. *The Statistician*, 36:75–82, 1987.

512. B. Smith. *Bayesian Output Analysis Program(BOA) User's Manual, Version 1.0.* Dept. of Biostatistics, College of Public Health, University of Iowa, 2003. Available from http://www.public-health.uiowa.edu/boa.

513. P. J. Smith, M. Shafi, and H. Gao. Quick simulation: a review of importance sampling techniques in communications systems. *IEEE Journal on Selected Areas in Communications*, 15:597–613, 1997.

514. D. Sorenson and D. Gianola. *Likelihood, Bayesian and MCMC Methods in Quantitative Genetics.* Springer-Verlag, New York, 2002.

515. D. Spiegelhalter, D. Thomas, N. Best, and D. Lunn. *WinBUGS User Manual, Version 1.4.* MRC Biostatistics Unit, Institute of Public Health, Cambridge, 2003. Available from http://www.mrc-bsu.cam.ac.uk/bugs.

516. D. Steinberg. Salford Systems. Available from http://www.salford-systems.com, 2003.

517. M. Stephens. Bayesian analysis of mixture models with an unknown number of components—an alternative to reversible jump methods. *The Annals of Statistics*, 28(1):40–74, 2000.

518. D. S. Stoffer and K. D. Wall. Bootstrapping state-space models: Gaussian maximum likelihood estimation and the Kalman filter. *Journal of the American Statistical Association*, 86:1024–1033, 1991.

519. C. J. Stone. An asymptotically optimal window selection rule for kernel density estimation. *Annals of Statistics*, 12:1285–1297, 1984.

520. C. J. Stone. M. Hansen, C. Kooperberg, and Y. K. Truong. Polynomial splines and their tensor products in extended linear modeling(with discussion). *Annals of Statistics*, 25:1371–1470, 1997.

521. M. Stone. Cross-validatory choice and assessment of statistical predictions. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 36:111–147, 1974.

522. O. Stramer and R. L. Tweedie. Langevin-type models I: diffusions with given stationary distributions, and their discretizations. *Methodology and Computing in Applied Probability*, 1:283–306, 1999.

523. O. Stramer and R. L. Tweedie. Langevin-type models II: self-targeting candidates for MCMC algorithms. *Methodology and Computing in Applied Probability*, 1:307–328, 1999.

524. A, H. Stroud. *Approximate Calculation of Multiple Integrals.* Prentice-Hall, Englewood Cliffs, NJ, 1971.

525. A. H. Stroud and D. Secrest. *Gaussian Quadrature Formulas.* Prentice-Hall, Englewood Cliffs, NJ, 1966.

526. R. H. Swendsen and J.-S. Wang. Nonuniversal critical dynamics in Monte Carlo simulations. *Physical Review Letters*, 58(2):86–88, 1987.

527. G. Syswerda. Uniform crossover in genetic algorithms. In J. D. Schaffer, editor, *Proceedings of the 3rd International Conference on Genetic Algorithms*, pages 2–9. Morgan Kaufmann, Los Altos, CA, 1989.

528. G. Syswerda. Schedule optimization using genetic algorithms. In L. Davis, editor, *Handbook of Generic Algorithms*, pages 332–349. Van Nostrand Reinhold, New York, 1991.

529. M. A. Tanner. *Tools for Statistical Inference: Methods for the Exploration of Posterior Distributions and Likelihood Functions.* Springer-Verlag, New York, 2nd edition, 1993.

530. M. A. Tanner. *Tools for Statistical Inference: Methods for the Exploration of Posterior Distributions and Likelihood Functions.* Springer-Verlag, New York, 3rd edition, 1996.

531. G. R. Terrell. The maximal smoothing principle in density estimation. *Journal of the American Statistical Association*, 85:470–477, 1990.

532. G. R. Terrell and D. W. Scott. Variable kernel density estimation. *Annals of Statistics*, 20:1236–1265, 1992.

533. T. Therneau and B. Atkinson. An introduction to recursive partitioning using the RPART routines. Technical Report, Mayo Clinic. Available from http://lib.stat.cmu.edu, 1997.

534. R. A. Thisted. *Elements of Statistical Computing: Numerical Computation.* Chapman & Hall, New York, 1988.

535. R. Tibshirani. Estimating optimal transformations for regression via additivity and variance stabilization. *Journal of the American Statistical Association*, 82:559–568, 1988.

536. R, Tibshirani and K. Knight. Model search by bootstrap"bumping". *Journal of Computational and Graphical Statistics*, 8:671–686, 1999.

537. L. Tierney. Markov chains for exploring posterior distributions(with discussion). *Annals of Statistics*, 22:1701–1786, 1994.

538. D. M. Titterington. Recursive parameter estimation using incomplete data. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 46:257–267, 1984.

539. H. Tjelmeland and J. Besag. Markov random fields with higher-order interactions. *Scandinavian Journal of Statistics*, 25:415–433, 1998.

540. G. L. Tyler, G. Balmino, D. P. Hinson, W. L. Sjogren, D. E. Smith, R. Woo, J. W. Armstrong, F. M. Flasar, R. A. Simpson, S. Asmar, A. Anabtawi, and P. Priest. Mars Global Surveyor Radio Science Data Products. Data can be obtained from the website http://www-star.stanford.edu/projects/mgs/public.html, 2004.

541. U. S. Environmental Protection Agency, Environmental Monitoring and Assessment Program(EMAP). Available from http://www.epa.gov/emap.

542. D. A. van Dyk and X.-L. Meng. The art of data augmentation(with discussion). *Journal of Computational and Graphical Statistics*, 10(1):1–111, 2001.

543. P. J. M. van Laarhoven and E. H. L. Aarts. *Simulated Annealing: Theory and Applications.* Kluwer, Boston, 1987.

544. W. N. Venables and B. D. Ripley. *Modern Applied Statistics with S-Plus.* Springer-Verlag, New York, 1994.

545. W. N. Venables and B. D. Ripley. *Modern Applied Statistics with S-Plus.* Springer-Verlag, New York, 3rd edition, 2002.

546. J. J. Verbeek. Principal curve webpage. Available from http://carol.wins.uva.nl/~jverbeek/pc/index_en.html.

547. C. Vogl and S. Xu. QTL analysis in arbitrary pedigrees with incomplete marker information. *Heredity*, 89(5):339–345, 2002.
548. M. D. Vose. *The Simple Genetic Algorithm: Foundations and Theory.* MIT Press, Cambridge, MA, 1999.
549. M. D. Vose. Form invariance and implicit parallelism. *Evolutionary Computation*, 9:355–370, 2001.
550. R. Waagepetersen and D. Sorensen. A tutorial on reversible jump MCMC with a view toward applications in QTL-mapping. *International Statistical Review*, 69(1):49–61, 2001.
551. G. Wahba. *Spline Models for Observational Data.* SIAM, Philadelphia, 1990.
552. F. H. Walters, L. R. Parker, S. L. Morgan, and S. N. Deming. *Sequential Simplex Optimization.* CRC Press, Boca Raton, FL, 1991.
553. M. P. Wand and M. C. Jones. *Kernel Smoothing.* Chapman & Hall, New York, 1995.
554. M. P. Wand, J. S. Marron, and D. Ruppert. Transformations in density estimation. *Journal of the American Statistical Association*, 86:343–353, 1991.
555. M. R. Watnik. Pay for play: are baseball salaries based on performance? *Journal of Statistics Education*, 6(2), 1998.
556. G. S. Watson. Smooth regression analysis. *Sankhyā, Series A*, 26:359–372, 1964.
557. G. C. G. Wei and M. A. Tanner. A Monte Carlo implementation of the EM algorithm and the poor man's data augmentation algorithms. *Journal of the American Statistical Association*, 85:699–704, 1990.
558. M. West. Modelling with mixtures. In J. M. Bernardo, M. H. DeGroot, and D. V. Lindley, editors, *Baysesian Statistics 2*, pages 503–524. Oxford, 1992. Oxford University Press.
559. M. West. Approximating posterior distributions by mixtures. *Journal of the Royal Statistical Society, Series B*, 55:409–422, 1993.
560. S. R. White. Concepts of scale in simulated annealing. In *Proceedings of the IEEE International Conference on Computer Design.* 1984.
561. D. Whitley. The GENITOR algorithm and selection pressure: shy rank-based allocation of reproductive trials is best. In J. D. Schaffer, editor, *Proceedings of the 3rd International Conference on Genetic Algorithms.* Morgan Kaufmann, Los Altos, CA, 1989.
562. D. Whitley. A genetic algorithm tutorial. *Statistics and Computing*, 4:65–85, 1994.
563. D. Whitley. An overview of evolutionary algorithms. *Journal of Information and Software Technology*, 43:817–831, 2001.
564. D. Whitley, T. Starkweather, and D. Fuquay. Scheduling problems and traveling salesman: the genetic edge recombination operator. In J. D. Schaffer, editor, *Proceedings of the 3rd International Conference on Genetic Algorithms*, pages 133–140. Morgan Kaufmann, Los Altos, CA, 1989.

565. D. Whitley, T. Starkweather, and D. Shaner. The traveling salesman and sequence scheduling: quality solutions using genetic edge recombination. In L. Davis, editor, *Handbook of Genetic Algorithms*, pages 350–372. Von Nostrand Reinhold, New York, 1991.

566. P. Wilmott, J. Dewynne, and S. Howison. *Option Pricing: Mathmatical Models and Computation*. Oxford Financial Press, Oxford, 1997.

567. D. B. Wilson. How to couple from the past using a read-once source of randomness. *Random Structures and Algorithms*, 16(1):85—113, 2000.

568. D. B Wilson. Web site for perfectly random sampling with Markov chains. Available from http://dbwilson.com/exact, August 2002.

569. G. Winkler. *Image Analysis, Random Fields and Markov Chain Monte Carlo Methods*. Springer-Verlag, Berlin, 2nd edition, 2003.

570. P. Wolfe. Convergence conditions for ascent methods. *SIAM Review*, 11:226–235, 1969.

571. R. Wolfinger and M. O'Connell. Generalized linear models: a pseudo-likelihood approach. *Journal of Computational and Graphical Statistics*, 48:233–243, 1993.

572. S. Wolfram. *Mathematica: A System for Doing Mathematics by Computer*. Addison-Wesley, Redwood City, CA, 1988.

573. D. H. Wolpert and W. G. Macready. No free lunch theorems for search. Technical Report SFI-TR-95-02-010, Santa Fe Institute, NM, 1995.

574. M. A. Woodbury. Discussion of "The analysis of incomplete data" by Hartley and Hocking. *Biometrics*, 27:808–813, 1971.

575. B. J. Worton. Optimal smoothing parameters for multivariate fixed and adaptive kernel methods. *Journal of Statistical Computation and Simulation*, 32:45–57, 1989.

576. C. F. J. Wu. On the convergence properties of the EM algorithm. *Annals of Statistics*, 11:95–103, 1983.

577. H. Youssef, S. M. Sait, K. Nassar, and M. S. T. Benton. Performance driven standard-cell placement using genetic algorithm. In *GLSVLSI'95: Fifth Great Lakes Symposium on VLSI*. 1995.

578. B. Yu and P. Mykland. Looking at Markov samplers through cusum plots: a simple diagnostic idea. *Statistics and Computing*, 8:275–286, 1998.

579. P. Zhang. Nonparametric importance Sampling. *Journal of the American Statistical Association*, 91:1245–1253, 1996.

580. W. Zhao, A, Krishnaswamy, R. Chellappa, D. L. Swets, and J. Weng. Discriminant analysis of principal components for face recognition. In H. Wechsler, P. J. Phillips, V. Bruce, F. F. Soulie, and T. S. Huang, editors, *Face Recognition: From Theory to Applications*, pages 73–85. Springer-Verlag, Berlin, 1998.

581. Z. Zheng. On swapping and simulated tempering algorithms. *Stochastic Processes and Their Applications*, 104:131–154, 2003.

索　引